SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		17.27 4.462e-11 47-70
			PR00449D 10.79 7.120e-
			11 109-123
235	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT	PRC0019B 11.36 7.300e-
		SIGNATURE	10 251-265 PR00019B
			11.36 5.320e-09 119-
			133 PR00019B 11.36
236	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT	1.000e-08 229-243
236	PRODUTS	SIGNATURE	PR00019B 11.36 7.300e- 10 245-259 PR00019B
		DIGITORE	11.36 5.320e-09 113-
			127 PR00019B 11.36
			1.000e-08 223-237
237	PD00289	PROTEIN SH3 DOMAIN	PD00289 9.97 8.448e-09
		REPEAT PRESYNA.	67-81
240	PR00011	TYPE III EGF-LIKE SIGNATURE	PR00011D 14.03 3.492e- 10 616-635
241	PR00011	TYPE III EGF-LIKE	PR00011D 14.03 3.492e-
241	PRODULI	SIGNATURE	10 616-635
244	BL00903	Cytidine and	BL00903 12.93 8.941e-
		deoxycytidylate	12 54-64
		deaminases zinc-binding	1
		region s.	
245	DM00179	w KINASE ALPHA ADHESION	DM00179 13.97 8.043e-
248	EL00246	T-CELL. Wnt-1 family proteins.	09 124-134 BL00246D 23.97 1.000e-
240	E500246	which ramily process.	40 186-239 BL00246E
			20.32 1.000e-40 305-
			351 BL00246B 13.69
			4.176e-36 105-140
			BL00246A 15.75 2.286e-
	1		24 70-90 BL00246C
			15.56 4.857e-22 150- 175
250	PR00927	ADRNINE NUCLEOTIDE	PR00927E 14.93 5.114e-
		TRANSLOCATOR 1 SIGNATURE	10 253-275
254	BL00674	AAA-protein family	BL00674B 4.46 1.000e-
		proteins.	09 223-245
255	PD01796	PROTEIN TRANSMEMBRANE	PD01796 15.01 6.045e-
256	BL50002	COBALT ZINC CADMIU. Src homology 3 (SH3)	09 61-88
256	BL50002	domain proteins profile.	BL50002B 15.18 2.800e- 10 421-435
258	PR00094	ADENYLATE KINASE	PR00094C 12.94 2.200e-
		SIGNATURE	18 87-104 PRC0094D
			12.52 2.731e-14 161-
			177 PR00094A 10.31
			5.500e-14 11-25
			PR00094B 11.01 4.115e- 13 39-54 PR00094E
			11.25 7.333e-13 178-
			193
259	BL00892	HIT family proteins.	BL00892A 18.17 5.500e-
		1	13 60-91
262	BL00388	Proteasome A-type	BL00388A 23.14 1.000e-
	ļ	subunits proteins.	40 B-54 BL00388B
		1	31.38 3.864e-33 66-108
		1	BL00388D 20.71 1.000e- 21 153-184 BL00388C
			18.79 8.147e-16 126-
	1	1	148
264	BL00903	Cytidine and	BL00903 12.93 5.821e-
	1	deoxycytidylate	09 91-101
	1	deaminases zinc-binding	
		region s.	
267	BL00107	Protein kinases ATP-	BL00107B 13.31 1.529e-
270	BL00226	binding region proteins.  Intermediate filaments	09 241-257
	5500520	proteins,	BL00226D 19.10 1.000e- 37 362-409 BL00226B

WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			23.86 8.043e-35 196- 244 BL00226C 13.23 7.000e-20 261-292 BL00226A 12.77 6.143e- 15 96-111
271	PD02952	KINASE TRANSFERASE CHOLINE PROTEIN MULTIGENE FAMI.	PD02952C 15.76 9.731e- 16 235-265 PD02952B 15.57 5.625e-09 215- 229
272	PD02929	ADHESION GLYCOPROTEIN PRECURSOR I.	PD02929A 28.27 1.000e- 40 106-160 PD02929B 18.36 8.800e-17 179- 199
274	BL01027	Glycosyl hydrolases family 39 proteins.	BL01027B 15.34 3.486e- 09 213-250
275	PR00424	ADENOSINE RECEPTOR SIGNATURE	PR00424D 14.32 6.451e- 11 39-59
277	BL00052	Ribosomal protein S7 proteins.	BL00052A 27.85 6.000e- 13 137-184 BL00052B 15.17 5.143e-12 208- 235
279	BL00790	Receptor tyrosine kinase class V proteins.	BL00790N 13.25 5.659e- 13 267-294
280	PR00319	BETA G-PROTEIN (TRANSDUCIN) SIGNATURE	PR00319D 11.64 6.625e- 23 107-125 PR00319C 13.41 1.000e-21 89-105 PR00319A 15.27 8.364e- 21 51-68 PR00319B 11.47 8.200e-19 70-85
281	PR00319	BETA G-PROTEIN (TRANSDUCIN) SIGNATURE	PR00319D 11.64 6.625e- 23 94-112 PR00319C 13.41 1.000e-21 76-92 PR00319A 15.27 8.364e- 21 38-55 PR00319B 11.47 8.200e-19 57-72
287	PF00929	Exonuclease.	PF00929D 16.17 7.366e- 09 149-163
291	BL00326	Tropomyosins proteins.	BL00326A 14.01 2.360e- 09 93-127
292	BL00326	Tropomyosins proteins.	BL00326A 14.01 2.360e- 09 93-127
294	PD00066	PROTEIN ZINC-FINGER METAL-BINDI.	PD00066 13.92 8.714e- 12 203-216
295	BL00028	<pre>%inc finger, CHE type, domain proteins.</pre>	BLOOUZ8 16.07 5.500- 15 322-33 BLOOUZ8 16.07 9.4728-14 433- 450 BLOOUZ8 16.07 16.00 8.13 6.07 6.500- 13.40 8.10 8.10 8.10 8.10 8.10 8.10 8.10 8.1

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			BL00028 16.07 4.086e- 09 517-534 BL00028 16.07 7.429e-09 489- 506
296	BL00215	Mitochondrial energy transfer proteins.	BL00215A 15.82 3.333e- 16 111-136 BL00215A 15.82 2.723e-11 10-35 BL00215B 10.44 9.526e- 11 152-165 BL00215B 10.44 7.375e-10 59-72 BL00215A 15.82 9.824e- 10 205-230
302	PF00953	Glycosyl transferase.	PF00953C 19.70 8.773e- 34 236-269 PF00953A 19.68 5.000e-25 102- 129 PF00953B 6.17 1.000e-13 182-194
304	PF00152	tRNA synthetases class	PF00152D 21.30 8.364e- 28 422-461 PF00152C 28.03 9.250e-21 220- 257 PF00152B 15.67 2.658e-13 159-184 PF00152A 19.68 5.714e- 11 44-67
305	PD01066	FROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 8.250e- 35 37-76
306	PD02784	PROTEIN NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN.	PD02784B 26.46 5.840e- 09 92-135
307	PR00454	ETS DOMAIN SIGNATURE	PR00454C 11.24 7.808e- 09 1167-1186
308	PR00237	RHODOPSIN-LIKE GPCR SUPERFAMILY SIGNATURE	PR00237E 13.03 5.031e- 13 188-212 PR002370 19.63 7.207e-13 268- 295 PR00237A 11.48 4.375e-11 24-49 PR00237C 13.69 3.057e- 10 101-124 PR00237D 8.94 4.750e-10 137-159 PR00237E 13.57 5.364e- 10 230-255 PR00237B 13.50 9.438e-10 57-79
309	BL00522	DNA-polymerase family X proteins.	BL00522C 11.90 7.577e- 24 315-339 BL00522F 14.90 1.310e-15 470- 494 BL00522A 25.52 1.265e-14 179-226 BL00522E 19.63 8.615e- 14 430-460 BL00522B 27.30 9.625e-12 267- 313
310	BL00326	Tropomyosins proteins.	BL00326D 8.76 5.235e- 10 856-897
312	BL00290	Immunoglobulins and major histocompatibility complex proteins.	BL00290A 20.89 4.706e- 14 151-174 BL00290B 13.17 9.000e-12 211- 229
313	BL00345	Ets-domain proteins.	BL00345B 21.28 1.000e- 40 34-85 BL00345A 13.96 9.217e-16 1-20
315	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 5.091e- 15 63-76
317	BL01020	SAR1 family proteins.	BL01020C 15.35 3.198e- 17 79-130
318	BL00216	Sugar transport proteins.	BL00216B 27.64 4.696e- 11 164-214
320	PR00109	TYROSINE KINASE CATALYTIC DOMAIN	PR001098 12.27 4.814e- 10 216-235

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		SIGNATURE	
321	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 5.688e- 10 329-372
322	PR00109	TYROSINE KINASE CATALYTIC DOMAIN SIGNATURE	PR00109B 12.27 8.765e- 12 558-577
324	BE01241	Link domain proteins.	BL01241 35.81 8.313e- 30 183-236 BL01241 35.81 3.222e-13 282- 335
326	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	8L00412D 16.54 4.000e- 12 515-556 BL00412D 16.54 5.705e-11 516- 567 BL00412D 16.54 7.848e-10 518-559 BL00412D 16.54 1.827e- 09 514-565 BL00412D 16.54 1.918e-09 513- 564 BL00412D 16.54
328	BL00232	Cadherins extracellular repeat proteins domain	2.102e-09 520-571 BL00232B 32.79 9.557e- 20 151-199 BL00232B
		proteins.	12.79 2.246e-18 41-09 BL00232B 32.79 5.985e- 18 370-418 BL00232B 32.79 5.500e-16 258- 306 BL00232B 32.79 9.384e-15 475-523 BL00232C 10.65 2.537e- 12.256-274 BL00232C 36 BL00232C 10.65 36 BL00232C 10.65 7.251e-11 473-491 BL00232C 10.65 7.457e- 11 39-57
330	PR00454	ETS DOMAIN SIGNATURE	PR00454C 11.24 7.808e- 09 1167-1186
331	BL00598	Chromo domain proteins.	BL00598 14.45 8.393e- 18 27-49
333	BL01016	Glycoprotease family proteins.	BLD1016C 22.34 3.925e- 12.70-115 BLD1010E 14.88 5.286e-19 149- 177 BLD1016H 13.71 7.577e-13 291-50.288- 10.10-10-10-10-10-10-10-10-10-10-10-10-10-1
339	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 5.500e- 11 17-61
340	P301066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	FD01066 19.43 1.231e- 33 10-49
341	BL01160	Kinesin light chain repeat proteins.	BL01160B 19.54 5.042e- 09 55-109
342	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 2.400e- 30 16-55
343	DM00031	IMMUNOGLOBULIN V REGION.	DM00031A 16.80 1.000e- 40 20-68
346	PR00109	TYROSINE KINASE CATALYTIC DOMAIN SIGNATURE	PR00109B 12.27 4.764e- 11 135-154
347	PR00109	TYROSINE KINASE	PR00109B 12.27 4.764e-

# WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.	CATALYTIC DOMAIN	11 135-154
	1	SIGNATURE	11 133 131
351	BL01187	Calcium-binding EGF-like	BL01187B 12.04 1.783e-
		domain proteins pattern proteins.	13 100-116 BL01187B 12.04 8.435e-13 276-
	1	proceins.	12.04 8.435e-13 276- 292 BL01187B 12.04
	1	[	8.800e-11 13-29
			BL01187B 12.04 7.429e-
			10 54-70 BL01187B
			12.04 5.725e-09 231- 247 BL01187A 9.98
			7.000e-09 255-267
352	PD00078	REPEAT PROTEIN ANK	PD00078B 13.14 5.950e-
		NUCLEAR ANKYR.	10 366-379 PD00078B
			13.14 4.522e-09 158-
354	BL00380	Rhodanese proteins.	181 BL00380F 9.76 6.694e-
334	DE00380	knodanese proceins.	11 542-553
355	PF00628	PHD-finger.	PF00628 15.84 1.000e-
			11 116-131
356	PR00587	SOMATOSTATIN RECEPTOR	PR00587A 8.06 9.700e-
359	PD00066	TYPE 1 SIGNATURE PROTEIN ZINC-FINGER	09 17-37 PD00066 13.92 4.462e-
555	***************************************	METAL-BINDI	15 261-274 PD00066
			13.92 6.500e-13 233-
	ĺ		246 PD00066 13.92
361	PF00791		4.300e-09 289-302 FF00791B 28.49 9.604e-
361	#800/91	Domain present in ZO-1 and Unc5-like netrin	13 54-109 PF00791B
		receptors.	28.49 1.095e-12 21-76
		-	PF00791A 27.85 1.432e-
			09 71-126 PF00791B
			28.49 7.440e-09 184-
362	PF00791	Domain present in ZO-1	PF00791B 28.49 2.273e-
		and Unc5-like netrin	11 279-334
363		receptors.	
363	PR00450	RECOVERIN FAMILY SIGNATURE	PR00450C 12.22 5.080e- 10 73-95 PR00450C
		SIGNATORE	12.22 3.278e-09 109-
			131
364	PF00242	DNA polymerase (viral)	PF00242Q 13.51 2.328e-
		N-terminal domain proteins.	09 22-68
365	PF00242	DNA polymerase (viral)	PF00242Q 13.51 2.328e-
	******	N-terminal domain	09 22-68
		proteins.	
366	BL01160	Kinesin light chain	BL01160B 19.54 6.644e-
367	PR00019	repeat proteins.	09 1038-1092 PR00019B 11.36 1.360e-
367	PR00019	SIGNATURE	09 229-243 PR00019B
		0204110110	11.36 6.040e-09 91-105
			PR00019A 11.19 8.567e-
	-		09 370-384
368	PR00011	TYPE III EGF-LIKE SIGNATURE	PRC0011D 14.03 9.000e-
		SIGNATURE	15 30-49 PR00011A 14.06 9.830e-15 30-49
			PR00011B 13.08 4.500e-
			14 30-49 PR00011C
369	BL01032		24.25 5.143e-09 6-35
202	DM01032	Protein phosphatase 2C proteins.	3L01032H 11.25 4.150e-
372	BL00478	LIM domain proteins.	BL00478B 14.79 7.750c-
		1	12 410-425
373	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 9.757e-
		ZINC-PINGER METAL-	34 26-65
376	PR00170	BINDING NU. SODIUM CHANNEL SIGNATURE	PR00170E 6.48 2.739e-
	-11-02/0	DODIES CHAMBE SIGNATURE	ENOUT/UE 0.48 2./398-

# WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			10 88-118
380	BL00107	Protein kinases ATP-	BL00107A 18.39 1.000g-
		binding region proteins.	23 276-307 BL00107B
		samualis rogion processo.	13.31 1.692e-12 342-
			35R
381	BL00455	Putative AMP-binding	BL00455 13.31 5.714e-
	1000100	domain proteins.	12 50-66
382	PR00624	HISTONE H5 SIGNATURE	PR00624G 4.08 4.900e-
302	1100024	HISTONE HS SIGNATORS	09 524-544
384	PD00078	REPEAT PROTRIN ANK	PD00078B 13.14 5.950e-
301	FD00075	NUCLEAR ANKYR.	10 366-379 PD00078B
		NOCHERE REIGER.	13.14 4.522e-09 168-
			781
385	PR00511	TEKTIN SIGNATURE	PR00511D 7.11 5.371e-
303	PRUUSII	IZKILN SIGNATORE	09 67-80
386	PD02870	RECEPTOR INTERLEUKIN-1	PD02870B 18.83 6.000e-
386	PD02870	PRECURSOR.	
			10 97-130
388	PD00066	PROTEIN ZINC-FINGER	PD00066 13.92 5.000e-
	l	METAL-BINDI.	13 516-529
389	BL00290	Immunoglobulins and	BL00290A 20.89 7.667e-
		major histocompatibility	09 151-174
		complex proteins.	
390	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 5.200e-
	1	transfer proteins.	15 221-246 BL00215A
			15.82 7.618e-14 20-45
			BL00215A 15.82 8.851e-
			11 123-148 BL00215B
			10.44 9.526e-11 69-82
			BL00215B 10.44 7.300e-
			09 272-285 BL00215B
			10.44 8.500m-09 165-
			178
394	BL00674	AAA-protein family	BL00674B 4.46 2.723e-
		proteins.	16 299-321
397	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FINGER	PR00048A 10.52 8.579e-
		SIGNATURE	11 141-155
398	PR00761	BINDIN PRECURSOR	PR00761B 9.93 6.764e-
		SIGNATURE	09 55-74
399	BL00240	Receptor tyrosine kinase	BL00240B 24.70 7.907e-
		class III proteins.	10 118-142
401	PF00676	Dehydrogenase E1	PF00676B 24.71 8.071e-
		component.	18 331-369 PF00676D
		-	14.40 3.854e-15 486-
	1		506 PF00676C 16.88
	1	1	9.182e-14 454-478
402	BL00514	Fibrinogen beta and	BL00514C 17.41 4.673e-
	1	gamma chains C-terminal	28 4432-4469 BL00514G
	1	domain proteins.	15.98 6.092e-14 4555-
	1	1	4585 BL00514D 15.35
	1	1	2.532e-12 4473-4486
	1	1	BL00514F 11.65 4.288e-
		1	10 4519-4534 BL00514H
		1	14.95 4.955e-10 4584-
	1	1	4609
403	PF00992	Troponin.	PF00992A 16.67 5.974e-
	1.00332	Lioponian.	09 105-140
404	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT	FR00019B 11.36 1.450e-
707	FRUUUIS	SIGNATURE	10 73-87 PR00019A
		SIGNATURE	
	J	1	11.19 8.043e-10 76-90
	1	1	PR00019B 11.36 1.000e-
	1		09 50-64 PR00019B
			11.36 1.000e-09 96-110
405	BL00232	Cadherins extracellular	BL00232B 32.79 9.557e-
	1	repeat proteins domain	20 139-187 BL00232B
		proteins.	32.79 2.246e-18 29-77
	1		
		Production	BL00232B 32.79 5.985e-
		Production	

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	No.		294 EL00232B 32.79
			9.384e-15 463-511
		[	BL00232C 10.65 2.537e-
			12 244-262 BL00232C
		1	10.65 4.326e-11 356-
		1	374 BL00232C 10.65
		1	7,261e-11 461-479
			BL00232C 10.65 7.457e-
			11 27-45
407	PF00426	Outer Capsid protein VP4	PF00426S 15.67 5.634e-
		(Hemagglutinin).	09 902-940
409	BL01160	Kinesin light chain	BL01160B 19.54 9.695e-
		repeat proteins.	09 126-180
410	BL00741	Guanine-nucleotide	BL00741B 14.27 2.731e-
		dissociation stimulators	09 252-275
		CDC24 family sign.	05 252 275
411	PF00646	F-box domain proteins.	PF00646A 14.37 6.344e-
411	PF00040	r-box domain proceins.	09 86-100
412	BL00603	The said diese between	BL00603B 11.39 8.500e-
412	PP000003	Thymidine kinase	09 542-557
	- DT 00000	cellular-type proteins.	
415	BF00866	Carbamoyl-phosphate	BL00866B 36.29 3.571e-
	1	synthase subdomain	31 245-291 BL00866C
		proteins.	23.26 9.000e-25 331-
			366
418	PR00239	MOLLUSCAN RHODOPSIN C-	PR00239E 1.58 6.114e-
		TERMINAL TAIL SIGNATURE	09 590-602
421	PF00791	Domain present in ZO-1	PF00791B 28.49 7.955e-
	1	and Unc5-like netrin	14 23-78 PF00791B
		receptors.	28.49 3.653e-12 273-
			328 PF00791B 28.49
			4.273e-11 156-211
			PF00791B 28.49 7.818e-
			11 89-144 PF00791B
	l .		28.49 1.524e-10 56-111
	1		PF00791C 20.98 3.559e-
			09 37-76 PF00791C
			20.98 5.235e-09 170-
	1		209 PF00791C 20.98
			5.235e-09 381-420
	i		PF00791B 28.49 6.202e-
	1		09 189-244 PF00791B
	1		28.49 7.028e-09 435-
	ł		490 PF00791B 28.49
			8.679e-09 367-422
424	DM00892	3 RETROVIRAL PROTEINASE.	DM00892C 23.55 7.207e-
		o markovanam Photogramas.	28 1645-1679
425	PR00109	TYROSINE KINASE	PR00109D 17.04 5.881e-
~~0	2.000103	CATALYTIC DOMAIN	10 228-251
		SIGNATURE	10 220-231
429	72 00540		FX 005+0 +0 -00 - 400
423	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type	BL00518 12.23 4.600e-
	-	(RING finger), proteins.	11 31-40
431	BL00039	DEAD-box subfamily ATP-	BL00039D 21.67 1.844e-
	1	dependent helicases	34 490-536 BL00039A
	1	proteins.	18.44 5.615e-19 205-
			244 BL00039B 19.19
	1		8.920e-16 251-277
	}		BL00039C 15.63 5.781e-
	1		15 333-357
432	PR00452	SH3 DOMAIN SIGNATURE	PR00452B 11.65 7.652e-
			12 169-185
433	PR00828	FORMIN SIGNATURE	PR00828B 5.23 8,218e-
			10 382-405
436	BD00415	Synapsins proteins.	BL00415N 4.29 8,643e-
	1		11 195-239 BL00415N
			4.29 3.036e-09 809-853
443	PR00834	HTRA/DEGQ PROTEASE	PR00834F 10.91 6.040e-
		FAMILY SIGNATURE	11 221-234
446	PF01140	Matrix protein (MA),	PF01140D 15.54 9.663e-

WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		
		p15.	10 183-218 PF01140D
			15.54 3.093e-09 246- 281
449	PR00568	DOPAMINE D3 RECEPTOR	PR00568G 13.95 5.551c-
451	PF00084	SIGNATURE Sushi domain proteins	09 39-53 PF00084B 9.45 3.813e-
		(SCR repeat proteins.	10 47-59
452	BL00790	Receptor tyrosine kinase	BLC07901 20.01 2.821e-
456	PR00380	class V proteins.	09 618-649 PRC0380A 14.18 1.000e-
		SIGNATURE	25 77-99 PR00380D
			9.93 1.000c-21 281-303 PR00380C 13.18 8.286c-
			17 230-249 PR00380B
	1		12.64 4.724e-16 194-
457	PR00253	GAMMA-AMINOBUTYRIC ACID	212 PR00253A 9.15 9.143e-
457	1100255	(GABA) RECEPTOR	24 246-267 PR00253B
		SIGNATURE	13.47 2.000e-23 272-
			294 PR00253C 13.85 7.000e-23 306-328
		!	PR00253D 16.68 5.950e-
467	PR00849	GLYCOSYL HYDROLASE	21 452-473
107	FR00849	FAMILY 58 SIGNATURE	PR00849D 9.77 9.236e- 09 910-937
471	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat	BL00678 9.67 8.200e-12
472	BL00226	proteins proteins. Intermediate filaments	33-44 BL00226B 23.86 3.721e-
472	B100226	proteins.	09 282-330
473	BL00344	GATA-type zinc finger	BL00344 17.99 7.000e-
474	BL00481	domain proteins. Thicl-activated	12 814-852
474	PE00491	cytolysins proteins.	BL00481E 13.07 8.909e- 09 173-199
479	PR00319	BETA G-PROTEIN	PR00319B 11.47 2.571e-
180	PD01066	(TRANSDUCIN) SIGNATURE PROTEIN ZINC FINGER	09 393-408 PD01066 19.43 1.900e-
	1201000	ZINC-FINGER METAL-	38 8-47
481		BINDING NU.	
481	PR00405	HIV REV INTERACTING PROTEIN SIGNATURE	PR004C5C 19.41 1.000e- 19 451-473 PR00405B
	1		11.83 4.333e-18 430-
	Ì		448 PR00405A 17.71
482	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN	4.971e-18 411-431 PR00049D 0.00 9.286e-
		SIGNATURE	10 959-974 PR00049D
			0.00 9.857e-10 958-973 PR00049D 0.00 1.305e-
			09 937-952 PR00049D
486			0.00 8.322e-09 939-954
486	PR00007	COMPLEMENT C1Q DOMAIN SIGNATURE	PR00007B 14.16 8.615e- 23 653-673 PR00007A
			19.33 6.192e-22 626-
			653 PR00007C 15.60
		,	5.846e-19 698-720 PR00007D 9.64 3.647e-
	<u></u>		13 732-743
487	PD00567	PROTEIN RNA-BINDING RNA REPEAT HYD.	PD00567B 18.23 2.853e- C9 200-214
488	PR00988	URIDINE KINASE SIGNATURE	PR00988A 6.39 4.569e-
			12 3-21
489	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL-	PD01066 19.43 4.882e- 27 30-69 PD01066
		BINDING NU.	27 30-69 PD01066 19.43 3.430e-10 71-110
490	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN	PR00049D 0.00 7.864e-
492	BL01128	SIGNATURE Shikimate kinase	09 663-678 BL01128A 18.84 6.464e-
	2201120	proteins.	BL01128A 18.84 6.464e-
497	PF00429	ENV polyprotein (coat	PF00429 31.08 7.171e-

SEQ ID NO	: ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		
498		polyprotein).	15 21-71
	BL00120	Lipases, serine proteins.	BL00120B 11.37 7.923e- 09 185-200
500	BL00030	Eukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030A 14.39 7.353e- 11 299-318
501	BL01159	WW/rsp5/WWP domain	BL01159 13.85 8.579e-
505	BL00021	Fringle domain proteins.	12 131-146 BL00021B 13.33 3.739e-
508	PR00120	H+TRANSPORTING ATPASE	17 492-510
		(PROTON PUMP) SIGNATURE	PR00120C 9.90 5.800e- 19 705-722
509	DM01417	6 kw INDUCING XPMC2 MUSHROOM SPAC22G7.04.	DM01417E 20.62 2.938e-
		FIGSIROOM SPACZZG7.04.	16 362-395 DM01417D 11.08 3.800e-13 322-
			338
510	PF00534	Glycosyl transferases group 1.	PF00534B 14.47 6.625e- 09 346-370
511	PF00534	Glycosyl transferases	PFC0534B 14.47 6.625e-
		group 1.	09 293-317
512	PF00534	Glycosyl transferases	PF00534B 14.47 6.625e-
513	PD01841	group 1.	09 366-390
213	PD01841	PHOSPHORYLASE KINASE ALPHA MUSCL.	PD01841A 21.71 1.000e-
		ALPHA MUSCL.	40 110-160 PD01841B 14.35 1.000e-40 181-
			222 PD01841D 17.87
	1		1.000e-40 243-295
			PD01841F 13.36 1.000e-
			40 333-382 PD01841G
	1		24.26 1.000e-40 386-
			440 PD01841L 18.42
	1		1.000e-40 968-1010
			PD01841I 23.00 4.545e- 37 762-804 PD01841E
			18.60 3.750e-36 295-
	1		333 PD01841J 14.94
			6.023e-35 851-888
	1		PD01841H 21.30 2.909e-
			33 490-527 PD01841K
		ł	14.81 7.088e-33 924-
			954 PD01841C 13.78
			9.386e-23 222-243
			PD01841M 10.82 8.594e-
			21 1054-1073 PD01841I 23.00 2.667e-13 549-
			591
514	PR00153	CYCLOPHILIN PEPTIDYL-	PR00153C 11.01 7.188e-
		PROLYL CIS-TRANS	13 95-111 PR00153E
		ISOMERASE SIGNATURE	9.10 4.150e-12 122-138
515	BL00740	MAM domain proteins.	BL00740A 13.87 7.188e-
516	DM00892	3 RETROVIRAL PROTEINASE.	12 410-423
223	DN00032	3 RETROVIRAL PROTEINASE.	DM00892C 23.55 6.087e- 12 1018-1052
517	BL00242	Integrins alpha chain	12 1018-1052 BL00242C 16.86 8.320e-
		proteins.	C9 12-42
523	DM00031	IMMUNOGLOBULIN V REGION.	DM00031A 16.80 3.750e-
			39 20-68 DM00031B
525	BL00319	Amyloidogenic	15.41 1.000e-25 84-118 BL00319C 17.12 8.375e-
	1111111111	qlycoprotein	10 61-95
		extracellular domain	120 01-33
		proteins.	I
526	PF00789	Domain present in	PF00789B 19.70 3.308e-
		ubiquitin-regulatory	12 322-343 PF00789C
		proteins.	20.98 5.269e-09 367-
528	77.04140		392
200	BL01162	Quinone oxidoreductase / zeta-crystallin	BL01162C 22.80 1.500e-
			16 120-164
		proteins.	

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
529	PR00910	LUTEOVIRUS ORF6 PROTEIN SIGNATURE	PR00910A 2.51 3.893e- 09 60-73
532	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 4.000e-
		transfer proteins.	17 11-36 BL00215A
			15.82 8.660e-11 123-
533	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 4.0008-
		transfer proteins.	17 11-36 BL00215A
534	BL00098	Thiolases acyl-enzyme	15.82 8.660e-11 97-122
334	BE00038	intermediate proteins.	BL00098C 21.65 2.800e- 38 181-227 BL00098B
			32.59 5.345e-38 86-141
			BL00098D 26.30 8.364e-
			35 245-288 BL00098E 22.12 1.000e-34 314-
			352 BL00098F 10.18
			4.971e-22 365-386
			BL00098A 10.60 6.455e-
535	PRC0370	FLAVIN-CONTAINING	PR00370E 11.96 7.429e-
		MONOOXYGENASE (FMO)	22 321-340 PR00370D
		SIGNATURE	16.33 6.143e-21 185- 204 PR00370F 17.75
			6.559e-21 376-396
			PR00370B 10.91 9.591e-
	1		21 27-46 PR00370C 12.72 3.500e-20 140-
			157 PR00370A 3.35
536			6.442e-17 4-20
536	BL00028	Zinc finger, C2H2 type, domain proteins.	BL00028 16.07 7.429e- 16 285-302 BL00028
		domain procedits.	16.07 6.294e-14 341-
		1	358 BL00028 16.07
			1.346e-11 369-386 BL00028 16.07 1.692e-
	ļ		11 397-414 BL00028
			16.07 4.462e-11 453-
			470 BL00028 16.07 7.231e-11 425-442
			BL00028 16.07 4.300e-
	4-1		10 313-330
537	BL00762	WHEP-TRS domain proteins.	BL00762A 23.43 9.419e- 15 844-881
538	BL00762	WHEP-TRS domain	BL00762A 23.43 9.419e-
		proteins.	15 819-856
539	BL00762	WHEP-TRS domain	BL00762A 23.43 9.419e-
540	PR00985	proteins.  LEUCYL-TRNA SYNTHETASE	15 822-859 PR00985A 12.10 9.000e-
		SIGNATURE	10 357-375
541	PD02102	SUBUNIT E V-ATPASE	PD02102A 16.74 1.000e-
		VACUOLAR ATP SYNTHASE HYDROL.	40 3-47 PD02102B 18.28 4.375e-34 57-100
		IIIDROD.	PD02102D 21.69 1.923e-
			30 179-218 PD02102C
			26.34 8.929e-26 100-
543	BL00028	Zinc finger, C2H2 type,	BL00028 16.07 1.000e-
		domain proteins.	10 48-65 BL00028
			16.07 6.400e-10 193-
		1	210 BL00028 16.07 1.000e-09 343-360
			BL00028 16.07 6.914e-
545	BL00250		09 78-95
245	BT00520	TGF-beta family proteins.	BL00250A 21,24 8.000e- 31 293-329 BL00250B
1		protestino.	27.37 5.286e-24 354-
			390
547	PR00319	BETA G-PROTEIN	PR00319B 11.47 2.714e-

WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEO ID NO:	TACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
CLU ID NO:	NO.		
		(TRANSDUCIN) SIGNATURE	09 186-201 PR00319A 15.27 7.344e-09 210- 227
548	BL01204	NF-kappa-B/Rel/dorsal domain proteins.	BL01204A 17.74 1.000e- 40 8-56 BL01204D 16.42 1.000e-40 177- 221 BL01204E 13.83 7.652e-30 225-250 BL01204C 13.93 8.714e- 22 141-160 BL01204B 15.41 4.333e-16 102- 116
549	PR00326	GTP1/CBG GTP-BINDING PROTEIN FAMILY SIGNATURE	PR00326A 8.75 8.364e- 15 255-276
551	PF00632	HECT-domain (ubiquitin- transferase).	PF00632C 20.66 3.302e- 23 1569-1601 PF00632B 18.45 3.700e-21 1515- 1543
554	BL00290	Immunoglobuling and major histocompatibility complex proteins.	BL00290B 13.17 1.600e- 14 187-205 BL00290A 20.89 2.059e-14 130- 153
557	DM00215	PROLINE-RICH PROTEIN 3.	DM00215 19.43 6.339e- 09 846-879
559	DM01111	4 kw PHOSPHATASE TRANSFORMING 61K PDF1.	DM01111L 11.93 3.762e- 09 7-35
562	PF00658	Poly-adenylate binding protein, unique domain proteins.	PF00658C 16.33 9.455e- 32 118-155
564	BL00141	Eukaryotic and viral aspartyl proteases proteins.	BL00141A 12.10 4.150e- 10 472-488
566	PF00855	PWWP domain proteins.	PF00855 13.75 5.667e- 15 272-289
567	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 4.977e- 13 229-268
569	BL00107	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107A 18.39 7.000e- 19 118-149 BL00107B 13.31 5.500e-15 183- 199
570	BL00107	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107A 18.39 7.000e- 19 118-149 BL00107B 13.31 5.500e-15 183- 199
572	PR00193	MYOSIN EEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00193D 14.36 1.857e- 34 454-483 PR00193C 12.60 2.636e-31 223- 251 PR00193B 11.69 7.750e-29 171-197 PR00193A 15.41 2.588e- 22 115-135 PR00193Z 19.47 6.559e-19 508- 537
573	PR00193	MYOSIN HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00193D 14.36 1.857e- 34 470-499 PR00193C 12.60 2.636e-31 239- 267 PR00193B 11.69 7.750e-29 171-197 PR00193A 15.41 2.588e- 22 115-135 PR00193E 19.47 6.559e-19 524- 553
575	BL00752	XPA protein.	BL00752B 19.17 9.703e- 10 885-929
576	BF00030	Eukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030A 14.39 7.000e- 09 276-295
577	BL00116	DNA polymerase family B	BL00116A 12.81 5.737e-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		proteins.	13 864-877 BL00116B
			11.82 1.529e-12 952-
578			965
	BL00195	Glutaredoxin proteins.	BL00195B 15.31 7.158e- 09 121-141
579	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT	PR00019B 11.36 9.000e-
		SIGNATURE	11 217-231 PR00019B
			11.36 1.360e-09 386- 400 PR00019A 11.19
			3.333e-09 389-403
			PR00019B 11.36 8.920e-
			09 363-377
580	PR00253	GAMMA-AMINOBUTYRIC ACID	PR00253A 9.15 2.125e-
		(GABA) RECEPTOR SIGNATURE	25 275-296 PR00253B
		SIGNATURE	13.47 7.923e-24 301- 323 PR00253D 16.68
			5.846e-23 444-465
			PR00253C 13.85 2.241e-
			20 335-357
583	PR00343	SELECTIN SUPERFAMILY	PR00343C 16.85 2.286e-
		COMPLEMENT-BINDING REPEAT SIGNATURE	11 1233-1252 PR00343C
		ADEBAL SIGNATURE	16.85 5.500e-11 333- 352 PR00343C 16.85
		1	5.500e-11 783-802
			PR00343C 16.85 4.246e-
			10 1491-1510 PR00343C
			16.85 8.230e-10 1686-
584	DM01537	kw SKI2W SKI2 NUCLEOLAR	1705 DM01537B 21.63 1.878e-
	2002337	HELICASE.	37 79-126 DM01537B
			21.63 9.491e-30 916-
			963 DM01537A 15.14
586	PF00013		3.186e-11 784-804
586	PF00013	KH domain proteins family of RNA binding	PF00013 5.78 1.450e-09 124-136
		proteins.	124-136
587	DM00892	3 RETROVIRAL PROTEINASE.	DM00892C 23.55 4.409e-
589	BLC0478	LIM domain proteins.	13 262-296 BL00478B 14.79 1.643e-
		Dan domain processis.	13 261-276 BL00478B
			14.79 7.709e-09 321-
			336
590	PF00855	PWWP domain proteins.	PF00855 13.75 8.000e- 15 931-948
591	PF00855	PWWP domain proteins.	PF00855 13.75 8.000e-
		Time demand processor	15 1062-1079
593	PF00628	PHD-finger.	PF00628 15.84 3.455e-
594			12 424-439
594	PR00205	CADHERIN SIGNATURE	PR00205B 11.39 2.241e-
			16 558-576 PR00205A 14.73 9.308c-13 542-
			558 PR00205C 13.65
			5.304e-12 594-609
			PR00205B 11.39 4.273e-
596	BL00307	Durch - I - I - I - I - I - I - I - I - I -	10 336-354
223	2000101	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107A 18.39 4.789e- 18 307-338
598	2D01675	GLYCOPROTEIN MAJOR	PD01675C 19.89 2.330e-
_		ENVELOPE PROBABLE U3.	10 55-89
600	BL00242	Integrins alpha chain	BL00242E 9.03 9.591e-
		proteins.	27 985-1014 BL00242C
			16.86 4.115e-25 286-
		1	316 BL00242D 13.57 4.150e-25 357-382
		1	BL00242B 8.13 7.353e-
		*	12 189-199 BL00242D
			13.57 3.455e-11 421-
		1	446 BL00242A 13.80

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			5.000e-11 61-73 BL00242D 13.57 4.986e- 10 291-316
601	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE	PR00320A 16.74 5.610e- 09 198-213
602	PR00278	PANCREATIC HORMONE SIGNATURE	PR00278A 12.43 4.569e- 10 331-348
603	BL00479	Phorbol esters / diacylglycerol binding domain proteins.	BL00479C 12.01 3.250e- 12 170-183
604	BL00315	Dehydrins proteins.	BL00315A 9.35 1.672e- 09 424-452
605	BL00415	Synapsins proteins.	BL00415N 4.29 9.794e- 10 295-339
606	PR00926	MITOCHONDRIAL CARRIER PROTEIN SIGNATURE	PR00926F 17.75 1.000e-
608	PF00855	PWWP domain proteins.	PF00855 13.75 5.167e- 15 265-282
609	PF00855	PWWP domain proteins.	PF00855 13.75 5.167e- 15 211-228
612	DM01206	COSONEVIRUS NUCLEOCAPSID . PROTEIN.	INMIJ206B 10.69 7.411e- 10.077-097 NU01206B 10.69 8.027e-10 851- 881 DN01206B 10.59 9.137e-10 873-893 DN01206B 10.65 1.456e- 09 859-879 DN01206B 10.69 1.7976-09 879- 879 DN01206B 10.69 10.69 1.7976-09 879- 10.69 1.7976-09 879- 10.69 1.895-98 871- 891 DN01206B 10.69 10.69 7.948-90 871- 891 DN01206B 10.69 891 BN01206B 10.69 892 BN01206B 10.69 893 BN01206B 10.69 894 977-877
615	PD02699	PROTEIN DNA-BINDING BINDING DNA.	PD02699A 8.91 2.023e- 28 129-158 PD02699C 24.84 1.000e-27 317- 364 PD02699B 18.28 1.000e-17 158-182
616	PR00380	KINESIN HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00380A 14.18 4.086e- 22 288-310 PR00380D 9,93 3.721e-17 486-508 PR00380B 12.64 2.241e- 16 410-428 PR00380C 13.18 2.976e-13 436- 455
617	PR00380	KINESIN HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00380A 14.18 4.086e- 22 288-310 PR00380D 9,93 3.721e-17 486-508 PR00380B 12.64 2.241e- 16 410-428 PR00380C 13.18 2.976e-13 436- 455
618	DM01206	CORONAVIRUS NUCLEOCAPSID PROTEIN.	DM01206B 10.69 5.143e- 12 531-551 DM01206B 10.69 2.603e-10 535- 555
621	PR00700	PROTEIN TYROSINE PHOSPHATASE SIGNATURE	PR00700B 16.80 3.160e- 21 561-582
622	BL00239	Receptor tyrosine kinase class II proteins.	BL00239F 28.15 3.222e- 10 647-692 BL00239C 18.75 8.304e-10 543- 566
623	PR00407	EUKARYOTIC MOLYBDOPTERIN DOMAIN SIGNATURE	PR00407K 9.94 8.448e- 09 326-339
624	BL00641	Respiratory-chain NADH dehydrogenase 75 Kd	BL00641C 21.10 1.000e- 40 157-202 BL00641E

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	MJ.	subunit proteins.	24.37 1.000e-40 255-
			308 BL00641F 33.12
			1.000e-40 571-623 BL00641A 17.15 1.818e-
			37 48-80 BL00641B
			12.62 5.846e-34 113-
1		1	139 BL00641D 13.23
			9.308e-29 216-240
627	PR00103	CAMP-DEPENDENT PROTEIN	PR00103E 17.80 2.500e-
		KINASE SIGNATURE	18 367-380 PR00103B
1			13.39 2.080e-14 297- 312 PR00103A 9.59
			2.957e-14 282-297
			PR00103D 10.83 3.077e-
			12 346-358 PR00103C
			15.68 1.000e-11 334-
			344 PR00103B 13.39 1.450e-11 175-190
			PR00103A 9.59 1.720e-
			10 160-175
630	PR00031	GLUCOSE/RIBITOL	PR00081A 10.53 6.211e-
		DEHYDROGENASE FAMILY	16 4-22
631	PF00651	SIGNATURE BTB (also known as BR-	PF00651 15.00 8.500e-
	**00031	C/Ttk) domain proteins.	14 37-50
632	DM01206	CORONAVIRUS NUCLEOCAPSID	DM01206B 10.69 2,233e-
		PROTEIN.	10 1324-1344 DM01206B
			10.69 4.822e-10 1276-
			1296 DM01206B 10.69
			7.658e-10 1328-1348 DM01206B 10.69 8.274e-
			10 1280-1300 DM01206B
			10.69 4.532e-09 1320-
			1340 DM01206B 10.69
			7.266e-09 1326-1346
635	BL00107	Protein kinases ATP-	BL00107A 18.39 7.600e-
		binding region proteins.	23 145-176 BL00107B 13.31 2.636e-13 211-
			227
636	BL00657	Fork head domain	BL00657A 19.39 1.545e-
		proteins.	30 101-143 BL00657B
			22.27 7.750e-26 149-
637	3L00107	Protein kinases ATP-	192 BL00107B 13.31 1.000e-
037	3500107	binding region proteins.	10 607-623
643	BL00018	EF-hand calcium-binding	BL00018 7.41 4.913e-09
		domain proteins.	199-212
647	PF00628	PHD-finger.	PF00628 15.84 2.350e-
			13 385-400 PF00628
	ł		15.84 3.455e-12 464- 479
648	BL01129	Hypothetical	BL01129E 13.25 4.000e-
	1	yab0/yceC/sfhB family	25 332-357 BL01129C
	1	proteins.	25.56 8.200e-23 236-
			279 BL01129B 12.51
649	Dr. Ologo		6.118e-13 191-212
049	BL01228	Hypothetical cof family proteins	BL01228D 17.44 3.908e- 10 455-480
650	BL00027	'Homeobox' domain	BL00027 26.43 6.684e-
		proteins.	13 771-814
651	BLS0002	Src homology 3 (SH3)	BL50002A 14.19 1.750e-
653	PR00253	domain proteins profile.  GAMMA-AMINOBUTYRIC ACID	12 1026-1045 PR00253A 9.15 4.000e-
		(GABA) RECEPTOR	24 253-274 PR00253C
	1	SIGNATURE	13.85 8.800e-24 313-
			335 PR00253B 13.47
			3.143e-22 279-301
			PR00253D 16.68 7.652e-

# WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEQ ID N	D: ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			20 422-443
654	PD01719	PRECURSOR GLYCOPROTEIN SIGNAL RE.	PD01719A 12.89 4.452m- 11 969-997 PD01719A 12.89 3.961m-10 128- 156 PD01719A 12.89 7.395m-10 1276-1304 PD01719A 12.89 1.222m- 09 1220-1248
657	BL00354	EMG-I and HMG-Y DNA- binding domain proteins (Ahook).	BL00354C 6.61 8.397a- 09 563-578
658	BL00354	HMG-I and HMG-Y DNA- binding domain proteins (Ahook).	BL00354C 6.61 8.397e- 09 580-595
659	DM00215	PROLINE-RICH PROTE:N 3.	DMOD215 19.43 2.374a- 13 539-572 DMOD215 19.43 4.750e-12 549- 542 DMOD215 19.43 9.824e-11 551-564 DMOD215 19.43 2.929- 10 548-581 DMOD215 19.43 19.43 4.054e-10 550- 563 DMOD215 19.43 5.339e-10 552-585 DMOD215 19.43 7.107e- 10 544-571
660	PR00688	XYLOSE ISOMERASE SIGNATURE	PR00688I 13.78 9.518e- 09 224-236
661	Вь00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 5.950e- 23 249-292
662	PR00360	C2 DOMAIN SIGNATURE	PR00360B 13.61 7.158e- 10 596-610
663	PR00360	C2 DOMAIN SIGNATURE	PR00360B 13.61 7.158e- 10 596-610
664	PR00360	C2 DOMAIN SIGNATURE	PR00360B 13.61 7.158e- 10 596-610
665	PROC819	CBXX/CFQX SUPERFAMILY SIGNATURE	PR00819B 10.83 8.988e- 10 704-720
667	BL50040	Elongation factor 1 gamma chain profile.	BL50040C 22.62 2.143e- 16 135-178
668	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	PR00019B 11.36 1.360e- 09 139-153 PR00019A 11.19 1.667e-09 94-108 PR00019B 11.36 4.600e- 09 163-177
670	BE00018	EF-hand calcium-binding domain proteins.	BL00018 7.41 3.250e-10 681-694 BL00018 7.41 6.400e-10 717-730
672	PD00131	ATP-BINDING TRANSPORT TRANSMEMBR.	PD00131B 34.97 1.000e- 34 356-410 PD00131C 19.59 1.346e-25 504- 542
673	PR00667	RETINAL PIGMENT EPITHELIUM-RETINAL GPCR SIGNATURE	PR00667G 15.33 7.557e- 10 106-123
674	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE	PRC0320A 16.74 4.857e- 13 593-608 PR00320B 12.19 4.115e-12 635- 65C PR00320C 13.01 8.435e-11 717-732 PR00320C 13.01 2.800e- 10 635-650 PR00320C 13.01 6.400e-10 593- 608 PR00320B 12.19 3.250e-09 593-608
675	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE	PR00320A 16.74 4.857e- 13 572-587 PR00320B 12.19 4.115e-12 614-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	+		629 PR00320C 13.01
			8.435e-11 696-711
			PR00320C 13.01 2.800e-
			10 614-629 PR00320C
			13.01 6.400e-10 572-
	1	l .	587 PR00320B 12.19
			3.250e-09 572-587
676	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT	PR00019A 11.19 9.667e-
		SIGNATURE	09 249-263
679	PF00642	Zinc finger C-x8-C-x5-C-	PF00642 11.59 3.700e-
		x3-H type (and similar).	16 225-236 PF00642 11.59 7.900e-12 187-
			11.59 7.900e-12 187-
680	PR00308	TYPE I ANTIFREEZE	PR00308C 3.83 8.754e-
	***************************************	PROTEIN SIGNATURE	10 286-296
681	BY-00019	Actinin-type actin-	BL00019D 15.33 4.200e-
	BHOODES	binding domain proteins.	19 227-257
682	PR00700	FROTEIN TYROSINE	PR00700D 12.47 4.000c-
		FHOSPHATASE SIGNATURE	09 99-118
687	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN	PR00049D 0.00 8.500e-
		SIGNATURE	10 538-553
689	BL01024	Protein phosphatase 2A	BL01024A 10.26 1.000e-
		regulatory subunit PR55	40 22-69 BL01024B
		proteins.	8.91 1.000e-40 86-127
			BL01024C 7.80 1.000e-
	1		40 146-185 BL01024D
			13.22 1.000e-40 185-
			222 BL01024E 11.96
			1.000e-40 222-266
			BL01024F 9.42 1.000e- 40 266-317 BL01024G
		1	11.09 1.000a-40 317-
			349 BL01024H 13.88
	1		1.000e-40 389-442
691	B1.00027	'Homeobox' domain	BL00027 26.43 8.071e-
		proteins.	31 152-195
692	BL00211	ABC transporters family	BL00211A 12.23 5.050e-
	1	proteins.	09 45-57
693	BL00211	ABC transporters family	BL00211A 12.23 5.050e-
×		proteins.	09 45-57
694	BL00211	ABC transporters family	BL00211A 12.23 5.050e-
		proteins.	09 58-70
696	BL00680	Methionine	BL00680 14.37 5.304e-
		aminopeptidase subfamily	17 173-195
697	BI-00741	1 proteins.	
09/	BL00741	Guanine-nucleotide	BL00741B 14.27 3.418e-
	1	dissociation stimulators CDC24 family sign.	11 242-265
698	DM01930	2 kw FINGER SMCX SMCY	DM01930E 15.41 1.367e-
	24101320	YDR096W.	37 170-215 DM01930F
		IDAU JOW.	14.16 8.232e-28 267-
	1		303 DM01930B 19.86
	1		9.163e-10 37-71
700	PR00869	DNA-POLYMERASE FAMILY X	PR00869A 12.80 1.281e-
	1	SIGNATURE	16 245-263
701	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FINGER	PR00048A 10.52 2.174e-
	1	SIGNATURE	10 77-91 PROOC48A
	1		10.52 6.870e-10 133-
	1		147 PR00048A 10.52
	1	1	8.826e-10 105-119
		1	PR00048A 10.52 5.320e-
			09 161-175
702	BL00523	Sulfatases proteins.	BL00523E 19.27 2.565e-
			25 326-356 BL00523A
			13.36 5.050e-16 38-55
			BL00523B 8.64 5.909e-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			148 BL00523D 9.89 1.844e-11 290-302 BL00523G 9.46 5.500e- 10 513-523 BL00523F 10.85 6.351e-09 413- 424
703	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FYNGER SIGNATURE	PR00048A 10.52 8.412e- 12 376-390 PR00048B 6.02 1.000e-10 334-344 PR00048B 6.02 1.474e- 09 364-374
707	PD00787	SYNTHASE BIOSYNTHESIS TRANSFERASE.	PD00787A 14.84 8.941e- 14 66-82
708	PR00761	BINDIN PRECURSOR SIGNATURE	PR00761E 14.32 8.500e- 10 822-841
712	DM01354	kw TRANSCRIPTASE REVERSE II ORF2.	DM01354Y 10.69 4.977e- 38 425-465 DM01354X 13.86 7.300e-34 376- 415 DM01354V 12.97 4.923e-17 311-358 DM01354W 12.64 5.596e- 10 356-376
713	BL00039	DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases proteins.	BL00039D 21.67 7.545e- 27 450-496 BL00039A 18.44 2.537e-18 147- 186 BL00039C 15.63 2.2160-14 280-304 BL00039B 19.19 1.947e- 13 194-220
715	BL00383	Tyrosine specific protein phosphatases proteins.	BL00383E 10.35 4.981e- 10 150-161
717	PF00777	Sialyltransferase family.	PF00777C 18.60 4.035c- 21 106-161
718	DM00031	IMMUNOGLOBULIN V REGION.	DM00031A 16.80 3.750e- 39 20-68 DM00031B 15.41 2.688e-28 84-118 DM00031C 12.79 1.300e- 12 131-142
719	BL00243	Integrine beta chain cystelne-rich domain proteins.	BLOG243B 17.54 1.009e- 40 131-172 ELDO243C 16.42 1.000e-40 172- 208 ELDO243D 24.07 1.000e-40 172- 208 ELDO243D 24.07 1.000e-40 222-274 10.00e-40 222-274 1
720	PR00217	43 KD POSTSYNAPTIC PROTEIN SIGNATURE	PR00217C 10.91 8.022e-
722	PR00704	PROTEIN STORATURE CALPAIN CYSTERINE PROTEASE (C2) PAMILY SIGNATURE	PR00704D 11.05 5.909e- 34 135-161 PR00704F 13.61 7.000e-26 190- 218 PR00704E 12.55 8.071e-26 165-189

SEQ ID N	O: ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			PR00704B 17.94 2.241e- 23 75-98 PR00704A 14.68 4.094e-19 30-54 PR00704C 11.88 1.871e- 18 99-116
725	PR00194	TROPOMYOSIN SIGNATURE	PR00194A 7.86 7.652e- 09 169-187
726	PR00194	TROPOMYOSIN SIGNATURE	PR00194A 7.86 7.652e- 09 169-187
727	PR00320	G-FROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE .	PR00320C 13 01 2.125e- 13 277-292 PR00320A 16.74 1.310e-11 277- 292 PR00320C 13 01 4.522e-11 323-338 PR00320A 16.74 6.586e- 11 323-338 PR00320B 12.19 4.343e-10 323- 338 PR00320B 12.19 6.914e-10 277-292
731	PR00195	DYNAMIN SIGNATURE	PR00195A 11.94 8.627e- 16 288-307 PR00195E 9.82 3.912e-11 457-474
733	PF00642	Zinc finger C-x8-C-x5-C- x3-H type (and similar).	PF00642 11.59 9.082e- 10 787-798
738	BL00039	DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases proteins.	BL00039A 18.44 2.565e- 28 26-65 BL00039D 21.67 2.105e-20 338- 384 BL00039C 15.63 9.100e-13 160-184 BL00039B 19.19 9.617e- 11 73-99
739	BL01289	TSC-22 / dip / bun family proteins.	BL01289A 12.18 8.909e- 31 326-353 BL01289B 10.45 9.571e-17 353- 383
742	BL01019	ADP-ribosylation factors family proteins.	BL01019A 13.20 7.078e- 12 41-81
743	BL00965	Phosphomannose isomerase type I proteins.	EL00965C 23.78 1.000e- 40 256-305 EL00965B 17.77 1.600e-25 126- 153 BL00965A 10.57 6.400e-19 94-113
747	BL00021	Kringle domain proteins.	BL00021D 24.56 4.563e- 25 231-273 BL00021B 13.33 5.345e-21 60-78
748	BL00612	Osteonectin domain proteins.	BL00612B 11.35 2.034e- 11 93-126
749	PR00450	RECOVERIN FAMILY SIGNATURE	PR00450C 12.22 6.880e- 10 135-157
752	BL00795	Involucrin proteins.	BL00795C 17.06 6.000e- 11 384-429 BL00795C 17.06 9.444e-11 370- 415
754	BL00051	Ribosomal protein L39e proteins.	BL00051 20.92 1.935e- 16 4-50
755	DM01970	0 kw ZK632.12 YDR313C ENDOSOMAL III.	DM01970B 8.60 7.723e- 09 171-184
760	BL01020	SAR1 family proteins.	BL01020C 15.35 9.020e- 12 99-150
762	BL00046	Histone H2A proteins.	BL00046 12.95 1.000e- 40 33-88
763	PD02411	PROTEIN TRANSCRIPTION REGULATION NUCLEAR.	PD02411 21.89 9.137e- 10 206-240
764	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 8.800e- 29 417-460
767	BL01208	VWFC domain proteins.	BL01208B 15.83 6.063e- 10 309-324 BL01208B 15.83 8.031e-10 165-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		100 PV 01000D + 0
			180 BL01208B 15.83 4.162e-09 85-100
770	BL00031	Nuclear hormones	BL00031A 19.55 9.571e-
		receptors DNA-binding	32 ·208-241 BL00031B
		region proteins,	22.25 5.500e-27 242-
			274
772	PR00449	TRANSFORMING PROTEIN P21	PR00449A 13.20 1.450e-
		RAS SIGNATURE	18 4-26 PR00449E
			13.50 3.520e-14 142-
l	1	1	165 PR00449C 17.27
	ļ		3.032e-13 44-67 PR00449D 10.79 8.579e-
	1		13 107-121 PR00449B
			14.34 3.455e-11 27-44
773	BL00523	Sulfatases proteins.	BL00523E 19.27 9.333e-
	1	The state of the s	23 299-329 BL00523A
			13.36 2.200e-13 47-64
			BL00523B 8.64 2.607e-
			13 91-103 BL00523D
ļ			9.89 7.923e-12 224-236
1			BL00523C 12.64 4.512e-
			10 141-152 BL00523F 10.85 5.821e-10 373-
1			384
775	BL00028	Zinc finger, C2H2 type,	BL00028 16.07 7.686e-
		domain proteins.	09 568-585
776	BL00028	Zinc finger, C2H2 type,	BL00028 16.07 7.686c-
		domain proteins.	09 621-638
777	BL00028	Zinc finger, C2H2 type,	BL00028 16.07 7.686e-
778		domain proteins.	09 595-612
778	BL00030	Eukaryotic RNA-binding	BL00030A 14.39 8.412e-
		region RNP-1 proteins.	11 322-341 BL00030A 14.39 7.000e-10 220-
ľ		1	239
779	PR00079	GLUCOSE-6-PHOSPHATE	PR00079B 12.98 2,929e-
		DEHYDROGENASE SIGNATURE	26 193-222 PR00079E
			16.65 4.150e-23 348-
			375 PR00079C 8.68
			6.351e-16 246-264
		l .	PR00079D 13.51 7.070e-
			16 264-281 PR00079A 16.12 6.769e-13 169-
			183
781	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 9.250g-
		transfer proteins.	17 10-35 BL00215A
		_	15.82 6.000e-16 221-
			246 BL00215A 15.82
			7.857e-12 108-133
-	1		BL00215B 10.44 9.526e-
783	PD00289	PROTEIN SH3 DOMAIN	11 168-181
	. 200203	REPEAT PRESYNA.	PD00289 9.97 6.276e-09 159-173
785	BL00690	DRAH-box subfamily ATP-	BL00690B 13.38 1.000e-
		dependent helicases	12 147-165 BL00690A
		proteins.	6.87 5.320e-10 114-124
	l		BL00690C 7.51 3.189e-
			09 218-228
786	PR00449	TRANSFORMING PROTEIN P21	PR00449C 17.27 8.500e-
		RAS SIGNATURE	16 50-73 PR00449A
			13.20 5.235e-14 8-30
			PR00449E 13.50 2.853e- 11 150-173 PR00449D
			10.79 1.545e-09 111-
			125
788	DM01206	CORONAVIRUS NUCLEOCAPSID	DM01206B 10.69 8.767e-
		PROTEIN.	10 1-21
790	BL00915	Phosphatidylinositol 3-	BL00915C 22.43 9.182e-
		and 4-kinases proteins.	39 725-764 BL00915B

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		22.78 5.050e-33 633- 671 BL00915D 27.02 1.529e-21 795-631 BL00915A 10.09 1.000e-
791	PR00208	GLIADIN AND LAW GLUTENIN SUPERGAMILY SIGNATURE	13 395-407 PRO0208A 12.59 6.294e-10 120-138 PRO0208A 12.59 6.294e-10 12.59 6.294e-10 121-139 PRO0208A 12.59 6.294e-10 122-140 PRO0208A 12.59 6.294e-10 123-141 PRO0208A 12.59 6.294e-10 125-143 PRO0208A 12.59 6.294e-10 125-143 PRO0208A 12.59 6.294e-10 125-144 PRO0208A 12.59 6.294e-10 127-144 PRO020
	1		145 FR00208A 12.59 6.294e-10 12e-146 PR00208A 12.59 6.294e- 10 139-147 PR00209A 12.59 7.411e-09 130- 148 FR00208A 12.59 7.658e-09 131-149 PR00208A 12.59 7.904e- 09 132-150 PR00208A 12.59 8.274e-09 118- 136 FR00208A 12.59
795	PR00205	CADHERIN SIGNATURE	PR00205B 11.39 5.034e- 16 302-320 PR00205A 14.73 1.257e-11 284- 300 PR00205C 13.65 1.333e-11 337-352
796	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 4.000e- 12 196-247 BL00412D 16.54 5.705e-11 197- 248 BL00412D 16.54 7.846e-10 199-250 BL00412D 16.54 1.827e- 09 195-246 BL00412D 16.54 1.918e-09 194- 245 BL00412D 16.54
797	BL00021	Kringle domain proteins.	BL00021B 13.33 6.339e- 13 40-58
799	BL01052	Calponin family repeat proteins.	BL01052C 18.51 1.000e- 40 87-127 BL01052A 16.12 1.529e-32 3-35 BL01052B 15.31 1.257e- 25 52-78 BL01052D 10.26 5.737e-25 174- 194
800	BL00345	p53 tumor antigen proteins.	BL00348F 23.19 3.714e- 09 197-240
801	BL00309	Vertebrate galactoside- binding lectin proteins.	BL00309C 18.65 1.621e- 09 62-87
802	PR00245	OLFACTORY RECEPTOR SIGNATURE	PR00245D 10.47 5.224e- 09 187-199
804	PF00774	Dihydropyridine sensitive L-type calcium channel (Beta subuni.	PF00774A 16.47 8.457e- 10 110-156
808	PR00667	RETINAL PIGMENT EPITHELIUM-RETINAL GPCR	PR00667C 11.71 9.875e- 09 12-28
810	PD02346	SIGNATURE PHOTOSYSTEM II PROTEIN PRECURSOR	PD02346F 12.89 4.340e- 09 317-354

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		PHOTOSYNTHESIS.	
811	BL00685	CBF-A/NF-YB subunit proteins.	BL00685B 14.41 6.779e- 14 54-95 BL00685A 11.22 4.798e-13 5-54
812	PR00080	ALCOHOL DEHYDROGENASE SUPERFAMILY SIGNATURE	PR00080A 9.32 9.419e- 10 93-105
813	BL00357	Histone H2B proteins.	BL00357 7.74 1.988e-17 22-65
815	PD00066	PROTEIN ZING-FINGER METAL-BINDI.	PD00066 13.92 7.9236- 15.158-17. PD00066 13.92 5.200e-14 46-59 PD00066 13.92 7.000e- 14 18-31 PD00066 13.92 7.000e-13 130- 143 PD00066 13.92 7.500e-13 214-227 PD00066 13.92 0.00e- 13.92 7.00066 13.92 13.92 4.20e-12 186- 199 PD00066 13.92
816	BL01195	Peptidyl-tRNA hydrolase proteins.	BL01195C 20.12 3.348e- 20 100-139
820	BL00520	Interleukin-10 family proteins.	BL00520A 6.21 6.471e- 09 1-14
822	BL00972	Ubiquitin carboxyl- terminal hydrolases family 2 proteins.	BL00972A 11.93 8.113e- 09 224-242
825	PR00876	NEMATODE METALLOTHIONEIN SIGNATURE	PR00876B 7.66 2.268e- 10 101-115
829	PD02855	FLAVOPROTEIN PROTEIN DNA/PANTOTHEN.	PD02855A 18.37 4.732c- 28 88-124 PD02855B 8.36 6.478e-09 132-142
830	PR00405	HIV REV INTERACTING PROTEIN SIGNATURE	PR00405B 11.83 7.000e- 21 44-62 PR00405C 19.41 1.000e-13 65-87 PR00405A 17.71 7.283e- 13 25-45
831	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	PR00019A 11.19 1.000e- 09 47-61 PR00019B 11.36 1.720e-09 136- 150 PR00019B 11.36 3.880e-09 44-58
832	PR00011	TYPE III BOF-LIKE SIGNATURE	PR00011B 13.08 3.438e- 16 164-183 PR00011D 14.03 6.850e-16 154- 183 PR00011A 14.06 8.364e-14 164-183 PR00011C 24.25 5.415e- 12 231-260 PR00011D 14.03 9.852e-11 212- 231
834	PD00306	PROTEIN GLYCOPROTEIN PRECURSOR RE.	PD00306A 10.26 7.000e- 12 232-246
835	PD00306	PROTEIN GLYCOPROTEIN PRECURSOR RE.	PD00306A 10.26 4.000e- 10 290-304
836	PD00306	PROTEIN GLYCOPROTEIN PRECURSOR RE.	PD00306A 10.26 7.000e- 12 216-230
837	DM00215	PROLINE-RICH PROTEIN 3.	DM00215 19.43 3.898e- 09 78-111
839	PD02784	PROTEIN NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN.	PD02784B 26.46 8.302e- 09 73-116
840	PR00700	PROTEIN TYROSINE PHOSPHATASE SIGNATURE	PR00700B 16.80 5.091e- 22 369-390 PR00700D 12.47 5.765e-21 491- 510 PR00700C 13.17 4.750e-14 449-467 PR00700F 11.18 8.500e-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		11 538-549 PR00700E 17.57 3.100e-10 522- 538
841	PR00109	TYROSINE KINASE CATALYTIC DOMAIN SIGNATURE	PR00109B 12.27 5.404e- 13 134-153
844	PD02785	PROTEIN RIBOSOMAL 60S L22 RNA-BINDING HEP.	PD02785B 14.43 1.000e- 40 58-112 PD02785A 15.23 1.915e-28 8-57
845	BL00826	MARCKS family proteins.	BL00826C 7.63 6.738e- 09 203-230
846	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 4.429e- 10 15-24
849	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 1.000e- 08 340-349
850	PR00308	TYPE I ANTIFREEZE PROTEIN SIGNATURE	PR00308A 5.90 6.506e- 09 12-27
851	PD02411	PROTEIN TRANSCRIPTION REGULATION NUCLEAR.	PD02411 21.89 7.000e- 16 246-280
852	EL00420	Sperset receptor repeat proteins domain proteins.	SLOM2208 22.67 1.000e- 40 723-778 ELO02208 22.67 1.321e-38 933- 988 BL004208 22.67 8.357e-28 983- 988 BL004208 22.67 8.559e- 75 987-62 8402-537 8.059e- 75 987-62 8L004208 22.67 9.625e-27 270- 325 EL004208 22.67 5.731e- 23 55-110 BL004208 22.67 5.731e- 23 55-110 BL004208 23.67 6.466-20.277 2.500e-15 830-885 EL00420 1.19 01.90e- 13 355-366 BL00420C 11.90 1.90e-12 888- 819 BL00420 1.19 01.90e- 13 955-368 BL00420C 11.90 1.90e-12 888- 11.90 1.91e-91 1.013- 11.90 1.91e-91 1.013- 11.90 1.91e-91 1.013- 11.90 1.91e-91 1.013- 11.90 5.190e-11 0.013- 11.90 5.190e-11 0.015- 11.90 5.190e-11
	3L00420	Speract receptor repeat proteins domain proteins domain proteins.	BLO0420B 22.67 1.000e- d0 756-911 BLO0420B 22.67 1.321e-33 966- 1021 BLO0420B 22.67 4.500a- BLO0420B 22.67 4.500a- 22.67 4.600a- 22.67 4.600a- 22.67 4.600a- 22.67 4.600a- 22.67 4.600a- 22.67 4.600a- 22.67 5.731e- 23.55-110 BLO0420B 22.67 5.731e- 23.55-110 BLO0420B 22.67 6.460a- 23.75- 432 BLO0420B 22.67 2.800a-15 86-20 377- 432 BLO0420B 22.67 2.800a-15 86-303 BLO0420B 21.67 2.800a-15 8 BLO0420C 21.50 4.600a- 23.550a-12.61 23.550a-12.61 24.62 25.500a-15 8 BLO0420C 21.90 5.119e-11 1051- 1062 BLO0420C 11.90

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		
857	PR00388		7.955e-10 567-578
857	PR00388	3',5'-CYCLIC NUCLEOTIDE CLASS II PHOSPHODIESTERASE SIGNATURE	PR00388A 10.45 2.778e- 09 64-83
859	BL00030	Bukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030A 14.39 2.929e- 13 37-56 BL00030B 7.03 1.900e-11 167-177 BL00030A 14.39 2.000e- 10 128-147
861	PR00988	URIDINE KINASE SIGNATURE	PR00988A 6.39 4.250e- 17 23-41 PR00988C 13.64 8.71de-16 107- 123 PR00988F 12.22 7.628e-15 198-212 PR00988E 8.27 9.769e- 12 176-188 PR00988D 5.95 6.250e-11 163-174 PR00988B 11.60 4.512e- 10 60-72
863	BL00215	Mitochondrial energy transfer proteins.	BL00215B 10.44 8.071e- 12 41-54
064	PR00775	90 KD HEAT SHOCK PROTEIN SIGNATURE	PRO0775E 8.06 1.000e- 24 198-221 PR00775B 3.52 1.8376-23 107-130 PR00775B 8.91 4.484e- 17 171-189 PR00775A 9.90 8.342e-17 86-107 PR00775C 10.68 9.379e- 17 153-171 PR00775G 10.64 6.850e-15 267- 286 PR00775F 12.76
866	DM01688	2 POLY-IG RECEPTOR.	DM01688G 16.45 9.460e- 09 89-121
867	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 5.596e- 29 14-53
868	BL01287	RNA 3'-terminal phosphate cyclase proteins.	BL01287A 17.95 2.688e- 26 16-48
869	DM00215	PROLINE-RICH PROTEIN 3.	DM00215 19.43 6.464e- 10 304-337
872	BL00046	Histone H2A proteins.	BL00046 12.95 1.000e- 40 30-85
874	BL00188	Biotin-requiring enzymes attachment site proteins.	BL00188 30.29 9.036e- 32 665-711
876	BL00028	Zinc finger, C2H2 type, domain proteins.	BL00028 16.07 7.686e- 09 298-315
877	PD02102	SUBUNIT E V-ATPASE VACUOLAR ATP SYNTHASE HYDROL.	PD02102A 16.74 4.176e- 10 97-141
879	BL01189	Ribosomal protein S12e proteins.	BL01189A 14.27 1.000e- 40 35-71 BL01189B 13.49 1.000e-40 71-125
882	BL00284	Serpins proteins.	BL00284C 28.56 6.400e- 25 62-104 BL00284B 17.99 6.182e-12 35-56
889	BL00216	Sugar transport proteins.	BL00216B 27.64 4.375e- 21 35-85
896	PR00391	PHOSPHATIDYLINGSITOL TRANSFER PROTEIN SIGNATURE	PR00391B 12.50 7.785e- 15 211-231 PR00391B 8.39 1.000e-13 83-104 PR00391D 12.21 9.328e- 13 191-207 PR00391A 7.83 5.390e-11 16-36
897	PR00327	ICE NUCLEATION PROTEIN	PR00327C 6.37 5.247e-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.	SIGNATURE	09 313-328
898	BL00039	DEAD-box subfamily ATP-	BL00039D 21.67 7.800e-
		dependent helicases	26 386-432 BL00039A
		proteins.	18.44 6.674e-16 113-
			152 BL00039B 19.19
	1	1	1.947e-13 153-179 BL00039C 15.63 9.460e-
			11 236-260
901	PD00066	PROTBIN ZINC-FINGER	PD00066 13.92 8.200e-
		METAL-BINDI.	16 254-267 PD00066
			13.92 8.200e-16 282-
			295 PD00066 13.92
			8.200e-16 310-323 PD00066 13.92 8.200e-
	ł		16 366-379 PD00066
			13.92 8.200e-16 394-
	1		407 PD00066 13.92
			8.200e-14 338-351
902	BL01115	GTP-binding nuclear	BL01115A 10.22 9.321e-
903	PR00806	protein ran proteins. VINCULIN SIGNATURE	11 6-50 PR00806B 4.28 9.160e-
303	***************************************	VINCOLIN SIGNATORE	09 97-111
904	PR00381	KINBSIN LIGHT CHAIN	PR00381E 8.75 6.586e-
	1	SIGNATURE	25 335-356 PR00381B
			18.17 2.667e-24 204-
			224 PR00381A 9.55
			2.800e-24 107-125 PR00381C 12.48 4.522e-
			24 226-245 PR00381D
			13.94 1.084e-22 291-
			309 PR00381F 9.13
	İ		3.288e-22 370-392
			PR00381F 9.13 7.181e-
			13 286-308 PR00381E 8.75 4.066e-11 251-272
			PR00381E 8.75 7.033e-
			11 293-314 PR00381E
			8.75 8.364e-10 377-398
			PR00381D 13.94 5.230e-
			09 333-351 PR00381C 12.48 7.120e-09 310-
			329
906	PR00345	STATHMIN FAMILY	PR00345C 4.54 8.557e~
		SIGNATURE	09 525-549
907	PR00345	STATHMIN FAMILY	PR00345C 4.54 8.557e-
908	BL00678	SIGNATURE Trp-Asp (WD) repeat	09 513-537 BL00678 9.67 9.308e-11
500	5200070	proteins proteins.	144-155
910	PD01066	PROTRIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 2.800e-
		ZINC-FINGER METAL-	30 48-87
		BINDING NU.	
912	BL01104	Ribosomal protein L13e	BL01104C 15.14 6.000e-
922	BL00678	proteins.	09 364-392
700	2000018	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 3.842e-09 500-511
923	PR00320	G-PROTKIN BETA WD-40	PR00320C 13.01 2.500e-
		REPEAT SIGNATURE	09 323-338 PR00320C
			13.01 5.500e-09 187-
924			202
924	PD02181	PROTOCHLOROPHYLLIDE	PD02181D 12.85 8.609e-
926	BL00019	REDUCTASE PHOTOSYNT.	09 36-64
220	PPOAGTA	Actinin-type actin- binding domain proteins.	BL00019C 14.66 7.453e- 25 108-144 BL00019B
	1		13.34 6.510e-11 61-84
		1	BL00019D 15.33 9.338e-
			11 205-235 BL00019A
928			12.56 2.373e-10 34-45
928	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat	BL00678 9.67 9.308e-11

SEQ ID N	O: ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		proteins proteins.	273-284 BL00678 9.67 1.600e-10 314-325 BL00678 9.67 7.600e-10 360-371 BL00678 9.67 8.579e-09 206-217
929	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 1.857e- 10 137-146
930	BL01085	Ribulose-phosphate 3- epimerase family proteins.	BL01085D 16.55 4.600c- 24 134-165 BL01085B 10.15 5.680c-22 30-52 BL01085E 18.87 8.676e- 20 172-202 BL01085C 21.81 2.038c-14 66-97
931	BL01085	Ribulose-phosphate 3- epimerase family proteins.	BL01085D 16.55 4.600e- 24 152-183 BL01085B 10.15 5.660e-22 30-52 BL01085E 18.87 8.676e- 20 190-220 BL01085C 21.81 2.038e-14 66-97
933	PD00301	PROTRIN REPEAT MUSCLE CALCIUM-BI.	PD00301A 10.24 6.400e- 09 160-171
936	PF00168	C2 domain proteins.	PF00168C 27.49 4.000e-
937	BL00415	Synapsins proteins.	BL00415N 4.29 9.519e-
940	PR00862	PROLYL OLIGOPEPTIDASE SERINE PROTEASE (S9A) SIGNATURE	PR00862D 16.17 4.086e- 09 63-84
945	BL01230	RNA methyltransferase trmA family proteins.	BL01230B 11.62 2.373e- 09 407-420
948	BL00479	Phorbol esters / diacylglycerol binding domain proteins.	BL00479B 12.57 7.429e- 18 52-68 BL00479A 19.86 2.200e-13 26-49
949	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 1.474s-09
954	PD01311	PROTEIN OXIDOREDUCTASE NAD INTERGENIC RE.	PD01311A 30.23 5.909e- 10 66-111
955	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 3.250e-
956	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 3.250e-
957	BL00379	CDP-alcohol phosphatidyltransferases proteins.	BL00379 24.64 1.610e- 15 111-148
959	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 1.884e- 10 31-75
960	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 3.438e- 14 110-154
962	BL00061	Short-chain dehydrogenases/reductase s family proteins.	BL00061B 25.79 6.586e- 13 198-236
963	PR00502	MUTT DOMAIN SIGNATURE	PR00502A 15.06 8.200e-
966	PR00308	TYPE I ANTIFREEZE PROTEIN SIGNATURE	PR00308A 5.90 7.035e-
967	DM01206	CORONAVIRUS NUCLEOCAPSID PROTEIN.	DM01206B 10.69 1.286s- 12 104-124 DM01206B 10.69 5.299e-11 23-43 DM01206B 10.69 8.274e- 10 73-93 DM01206B 10.69 3.962e-09 108- 128 DM01206B 10.69 5.671e-09 38-58
969	PF01008	Initiation factor 2 subunit.	PF01008B 25.59 4.724e- 31 417-460 PF01008C 12.25 5.333e-18 506- 526 PF01008A 20.14 5.875e-15 369-390

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESOLTS*
970	BL01277	Ribonuclease PH proteins.	BL01277C 10.18 7.648e- 10 112-143 BL01277A 17.39 9.806e-10 40-78
975	BL01159	WW/rsp5/WWP domain proteins.	Bb01159 13.85 3.605e- 12 130-145 Bb01159 13.85 4.122e-10 171- 186
977	PP00791	Domain present in ZO-1 and Unc5-like netrin receptors.	PF00791C 20.98 2.235e- 09 55-94
978	BL01167	Ribosomal protein L17 proteins.	BL01167B 20.66 8.258e- 19 88-127
979	BL00478	LIM domain proteins.	BL00478B 14.79 9.357e- 13 33-48 BL00478B 14.79 7.250e-12 98-113
980	PR00312	CALSEOUSSTRIN SIGNATURE	PRO0312E 8.73 3.423e- 36 159-199 PRO0312I 15.78 5.286e-35 332- 36 PRO0312F 15.06 5.866e-35 139-228 5.866e-35 139-228 5.263-21 PRO0312F 13.73 5.688e-34 362- 39 PRO0312D 9.43 2.636e-31 128-158 PRO0312D 15.14 6.839e- 33 32-122 PRO0312D 3.43 2.636e-31 128-158 PRO0312C 15.14 6.839e- 33 22-128 PRO0312D 9.43 1.10 6.5392 PRO0312D 1.11 6.6579- 32 230-258 PRO0312D
981	PF00992	Troponin.	PF00992A 16.67 8.816e- 09 414-449
982	PR00299	ALPHA CRYSTALLIN SIGNATURE	PR00299F 13.20 2.367e- 09 127-149
983	BL01150	Respiratory-chain NADH dehydrogenase 20 Kd subunit proteins.	BL01150B 17.16 1.000e- 40 156-202 BL01150A 14.10 8.200e-39 100- 138
986	BL00795	Involucrin proteins.	BL00795C 17.06 7.211e- 14 4-49 BL00795C 17.06 1.778e-11 1-46 BL00795C 17.06 3.407e- 10 14-59 BL00795C 17.06 7.802e-10 2-47 EL00795C 17.06 8.640e- 10 19-64 BL00795C 17.06 7.800e-09 11-56 BL00795C 17.06 7.800e- 09 3-48
987	BL00939	Ribosomal protein Lle proteins.	BL00939F 17.27 5.393e- 09 810-840
988	PR00452	SH3 DOMAIN SIGNATURE	PR00452B 11.65 6.538e- 11 525-541
989	PR00452	SH3 DOMAIN SIGNATURE	PR00452B 11.65 6.538e- 11 497-513
994	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 2.500e- 25 146-189
997	BL01304	ubiH/COQ6 monooxygenase family proteins.	BL01304A 8.05 3.893e- 11 65-79
998	DM01767	5 TRANSMITTER DOMAIN.	DM01767B 10.07 7.868e- 09 22-39
1000	PR00926	MITOCHONDRIAL CARRIER PROTEIN SIGNATURE	PR00928C 16.07 1.750e- 24 73-94 PR00926D 10.53 3.250e-23 126- 145 PR00926F 17.75 6.211e-23 217-240 PR00926E 11.70 6.625e-

WO 01/53312

# PCT/US00/34263

SEC ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	I RESULTS*
and in no:	NO.	DESCRIPTION	
			20 174-193 PR00926B
			16.07 2.125e-18 24-39
			PR00926A 10.41 1.000e-
			15 11-25 PR00926F 17.75 5.565e-09 120-
			143
1005	BL00406	Actins proteins.	BL00406B 5.47 1.000e-
			40 88-143 BL00406C 6.75 1.000e-40 147-202
			BL00406D 12.58 3.700e-
			40 270-325 BL00406E
			8.44 7.375e-38 327-377
			BL00406A 9.95 3.348e-
	1		29 11-46
1006	BL00406	Actins proteins.	BL00406B 5.47 1.000e-
			40 88-143 BL00406C 6.75 1.000e-40 147-202
			BL00406E 8.44 1.000e-
			35 248-298 BL00406A
			9.95 3.348e-29 11-46
1007	PR00304	TAILLESS COMPLEX	PR00304D 11.04 8.714e-
	1	POLYPEPTIDE 1	22 384-407 PR00304C
		(CHAPERONE) SIGNATURE	8.69 4.667e-20 98-118
			PR00304B 11.60 7.577e- 19 68-87 PR00304A
			9.20 3.382e-16 46-63
	i		PR00304E 7.79 6.870e-
			13 418-431
1009	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 2.929e-
		ZINC-FINGER METAL - BINDING NU.	32 9-48
1011	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 2.929e-
		ZINC-FINGER METAL-	32 68-107
	1	BINDING NU.	
1012	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type	BL00518 12.23 6.143e-
1016	PD01168	(RING finger), proteins.	10 64-73
1010	PDUILES	PROTEIN ALANYL.	PD01168H 12.08 1.000e- 11 174-194
1018	PD00930	PROTEIN GTPASE DOMAIN	PD00930B 33.72 1.391e-
		ACTIVATION.	32 261-302 PD00930A
			25.62 9.550e-22 157-
			183
1022	BL00175	Phosphoglycerate mutase	BL00175A 15.42 5.179e-
		family phosphohistidine proteins.	12 6-26 BL00175C 23.75 8.062e-10 79-111
1025	PR00305	14-3-3 PROTEIN ZETA	PR00305D 16.34 1.439e-
		SIGNATURE	10 158-185
1026	BL00353	HMG1/2 proteins.	BL00353B 11.47 2.436e-
			18 238-288 BL00353C
			14.83 8.844e-11 288-
1028	BL00183	Ubiquitin-conjugating	
2040	~~00103	enzymes proteins.	BL00183 28.97 1.310e- 33 43-91
1033	PF00580	UvrD/REP helicase.	PF00580A 13.37 4.7208-
			09 111-133
1034	PR00413	HALOACID	PR00413E 15.78 3.429e-
		DEHALOGENASE/EPOXIDE	09 154-171
		HYDROLASE FAMILY	
1037	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 9.657e-
		ZINC-FINGER METAL-	09 5-44
	1	BINDING NU.	
1038	PD01796	PROTEIN TRANSMEMBRANE	PD01796 15.01 4.259e-
		COBALT ZINC CADMIU.	11 55-82
1039	BL00299	Ubiquitin domain	BL00299 28.84 9.035e-
1040	PR00970	proteins. ARGININE ADP-	09 17-69 PR00970A 17.73 6.143e-
2040	PRO03/0	RIBOSYLTRANSFERASE	PR00970A 17.73 6.143e- 20 56-78 PR00970D
	L	ATDOOT DITCHART BRADE	20 30-70 ER00970D

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		SIGNATURE	9.96 2.154e-18 154-171 PR00970F 12.30 1.000e- 16 224-241 PR00970G 9.97 9.229e-15 242-258 PR00970B 16.37 1.290e- 13 86-105 PR00970C
			11.05 1.643e-11 115- 130 PR00970E 11.23 9.820e-11 202-218
1042	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 2.200e-10 243-254
1043	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FINGER SIGNATURE	PR00048A 10.52 6.786e- 13 114-128 PR00048A 10.52 1.000e-09 172- 186
1045	BL00615	C-type lectin domain proteins.	BL00615A 16.68 1.720e- 11 218-236 BL00615B 12.25 1.857e-10 317- 331
1046	BL01092	Adenylate cyclases class-I proteins.	BL01092N 13.54 8.924e- 10 3-40
1047	BL01216	ATP-citrate lyase / succinyl-CoA ligases family proteins.	BL01216D 21.75 4.316e- 28 314-344 BL01216A 13.91 1.000e-10 97-112
1049	DM00031	IMMUNOGLOBULIN V REGION.	DM00031B 15.41 7.618e- 12 102-136
1050	BL01073	Ribosomal protein L24e proteins.	BL01073 24.30 1.000e- 40 12-62
1054	BL00571	Amidases proteins.	BL00571 25.69 5.875e- 31 160-212
1055	BL00030	Eukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030A 14.39 5.235e- 11 98-117 BL00030B 7.03 4.316e-09 137-147
1058	BL00223	Annexins repeat proteins domain proteins.	9L00223C 24.79 8.754e- 23 262-317 BL00223A 15.59 9.478e-14 46-80 BL00223A 15.59 5.557e- 11 118-152
1060	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 3.455e- 35 158-201
1064	BL00455	Putative AMP-binding domain proteins.	BL00455 13.31 6.211e- 13 280-296
1065	PR00019 .	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	PR00019A 11.19 2.000e- 09 115-129 PR00019B 11.36 3.880e-09 87-101
1066	PR00326	GTP1/OBG GTP-BINDING PROTEIN FAMILY SIGNATURE	PR00326A 8.75 4.600e- 16 151-172 PR00326D 9.79 1.290e-14 200-216 PR00326B 16.74 8.548e- 14 172-191 PR00326D 19.09 1.257e-13 217- 236
1071	PD02870	RECEPTOR INTERLEUKIN-1 PRECURSOR.	PD02870B 18.83 8.518e- 11 164-197
1072	PF00856	SET domain proteins.	PF00856A 26.14 5.976e- 09 350-387
1075	BL01009	Extracellular proteins SCP/Tpx-1/Ag5/PR-1/Sc7 proteins.	BL01009D 14.19 4.300e- 20 127-148 BL01009A 13.75 6.586e-13 57-75 BL01009E 13.50 1.439e- 11 159-175
1077	PR00724	CARBOXYPEPTIDASE C SERINE PROTEASE (S10) PAMILY SIGNATURE	PR00724A 10.91 1.000e- 08 366-379
1078	BL00215	Mitochondrial energy transfer proteins.	BL00215A 15.82 1.000e- 12 170-195 BL00215A 15.82 7.529e-10 79-104
1079	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat	BL00678 9.67 4.316e-09

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		proteins proteins.	298-309
1081	BL00326	Tropomyosins proteins.	BL00326A 14.01 7.398e- 10 23-57
1094	BL00460	Glutathione peroxidases selenocysteine proteins.	BL00460A 28.67 3.204e- 18 57-92 BL00460B 9.73 6.400e-13 100-118 BL00460D 16.89 9.143e- 12 162-182 BL00460C 14.35 5.500e-09 133- 156
1095	PD02811	PROTEIN PEPTIDE REDUCTASE MG448 PILB FIMBRIA TRAN.	PD02811A 20.67 3.017e- 22 67-105 PD02811B 17.07 2.263e-21 118- 151 PD02811C 13.25 5.696e-13 154-167
1096	PD02811	PROTEIN PEPTIDE REDUCTASE MG448 PILB FIMBRIA TRAN.	PD02811A 20.67 3.017e- 22 60-98 PD02811B 17.07 2.263e-21 111- 144 PD02811C 13.25 5.696e-13 147-160
1097	BL00479	Phorbol esters / diacylglycerol binding domain proteins.	BL00479B 12.57 6.143e- 09 200-216
1105	PF00881	Nitroreductase family.	PF00881A 27.15 9.229e- 13 111-147
1109	PR00449	TRANSFORMING PROTEIN P21 RAS SIGNATURE	PR00449A 13.20 3.077e- 10 15-37 PR00449E 13.50 1.857e-09 185- 208 PR00449D 10.79 8.364e-09 131-145
1115	PR00405	HIV REV INTERACTING PROTEIN SIGNATURE	PR00405B 11.83 5.737e- 20 42-60 PR00405A 17.71 2.703e-17 23-43 PR00405C 19.41 6.902e- 10 63-85
1116	BL00355	HMG14 and HMG17 proteins.	BL00355 5.97 2.528e-25 20-51
1117	BL00355	HMG14 and HMG17 proteins.	BL00355 5.97 2.528e-25 20-51
1120	BL00107	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107B 13.31 4.857e- 10 290-306
1123	PR00412	SPOXIDE HYDROLASE SIGNATURE	PR00412F 18.76 9.526e- 12 301-324
1125	PR00186	HEMERYTHRIN SIGNATURE	PR00186A 13.62 2.800e- 09 87-101
1129	BL00170	Cyclophilin-type peptidyl-prolyl cis- trans isomerase signatur.	BL00170C 18.49 3.077e- 33 84-129 BL00170B 20.97 6.838e-25 37-77 BL00170A 17.08 3.455e- 15 10-37
1131	BL00636	Nt-dnaJ domain proteins.	BL00636A 8.07 5.304e- 15 29-46 BL00636B 15.11 1.360e-14 59-80
1132	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 6.211e-09 29-40
1133	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 6.211e-09
1136	BL00990	Clathrin adaptor complexes medium chain proteins.	BL00990C 18.78 4.176e- 38 235-269 BL00990A 21.44 4.316e-36 94-132 BL00990B 20.15 2.125e- 27 157-187 BL00990D 16.13 5.320e-18 403- 422
1137	PR00314	CLATHRIN COAT ASSEMBLY PROTEIN SIGNATURE	PR00314B 15.68 8.000e- 34 100-128 PR00314D 9.66 3.531e-33 233-261 PR00314C 16.05 8.909e-

SEQ ID NO	O: ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			32 159-188 PR00314A
			14.53 1.281e-22 13-34
1139	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 6.364e- 13 13-57
1141	BL00107	Protein kinases ATP-	BL00107A 18.39 4.000e-
		binding region proteins.	19 451-482 BL00107B
			13.31 3.077e-12 519-
			535
1148	PR00685	TRANSCRIPTION INITIATION	PR00685A 13.62 4.676e-
		FACTOR IIB SIGNATURE	09 21-42
1155	PD01652	RECEPTOR CELL NK	PD01652B 8.50 9.396e-
		GLYCOPROTEIN IMMUNOGLOB.	10 522-574 PD01652B
1157	PD02894		8.50 9.463e-10 740-792
1157	PD02894	HYDROLASE N4 - PRECURSOR	PD02894A 21.96 7.873e-
		PROTEIN SIGNAL BE.	28 81-127 PD02894B
			13.93 1.188e-27 178-
1159	BL00623	GMC oxidoreductases	211
1159	BL00623	proteins,	BL00623E 15.00 3.531e- 20 391-414 BL00623C
		proteins.	20 391-414 BL00623C 10.86 4.240e-20 155-
			176 4.240e-20 155-
1161	PD01937	DNA PROTEIN POLYMERASE	PD01937A 6.68 3.475e-
2201	PD01337	ENDONUCLEASE DNA	PD01937A 6.68 3.475e-
1162	PD01937	DNA PROTEIN POLYMERASE	PD01937A 6.68 3.475e-
TTOS	PD01937	ENDONUCLEASE DNA	09 221-232
1163	PR00624	HISTONE H5 SIGNATURE	PR00624D 11.94 7.455e-
1103	PROODZE	HISTORE AS SIGNATURE	10 214-239 PR00624D
			11.94 1.961e-09 312-
			337
1167	BL00226	Intermediate filaments	BL00226B 23,86 7,384e-
	Datement	proteins.	09 302-350
1177	BL01032	Protein phosphatase 2C	BL01032G 8.33 1.422e-
		proteins.	10 34-48
1178	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40	PR00320A 16.74 1.794e-
		REPEAT SIGNATURE	10 205-220 PR00320C
	1	1	13.01 7.840e-10 205-
			220 PR00320B 12.19
		1	8.457e-10 35-50
		1	PR00320A 16.74 7.146e-
			09 35-50 PR00320B
			12.19 9.100e-09 79-94
1180	PR00454	ETS DOMAIN SIGNATURE	PR00454D 10.89 4.150e-
			19 765-784
1181	BL00291	Prion protein.	BL00291A 4.49 8.962e-
			11 152-187
1184	BL00720	Guanine-nucleotide	BL00720B 16.57 4.103e-
		dissociation stimulators	18 1089-1113
		CDC25 family sign.	
1185	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 4.553e-
		transfer proteins.	13 204-229 BL00215A
			15.82 1.429e-12 11-36
			BL00215A 15.82 9.809e-
			11 104-129
1187	BL00983	Ly-6 / u-PAR domain	BL00983C 12.69 2.761e-
1188	25.05000	proteins.	10 77-93
1128	BL00878	Orn/DAP/Arg	BL00878B 10.95 6.000s-
		decarboxylases family 2 pyridoxal-P attachment	16 189-204 BL00878C
			17.74 8.435e-15 225-
		si.	245 BL00878F 19.67
			3.625e-13 379-402
			BL00878D 16.56 1.621e-
	i		
1101	DD02020	DOCUMENT OF STREET	
1191	PD02939	PROTEIN GLUTATHIONE	PD02939B 10.10 2.723e-
1191	PD02939	PROTEIN GLUTATHIONE SYNTHETASE SY.	PD02939B 10.10 2.723e- 12 203-220 PD02939C
1191	PD02939	PROTEIN GLUTATHIONE SYNTHETASE SY.	PD02939B 10.10 2.723e- 12 203-220 PD02939C 20.01 1.000e-11 224-
		SYNTHETASE SY.	PD02939B 10.10 2.723e- 12 203-220 PD02939C 20.01 1.000e-11 224- 252
1191	PD02939	PROTEIN GLUTATHIONE SYNTHETASE SY. STATHMIN PAMILY SIGNATURE	PD02939B 10.10 2.723e- 12 203-220 PD02939C 20.01 1.000e-11 224-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			8.54 7.652c-28 149-17 PR00345C 4.54 9.100e- 28 101-125 PR00345D 10.97 1.964e-24 125- 149 PR00345A 13.46 5.645e-16 43-62
1194	PR00345	STATUMIN PAMILY SIGNATURE	PR00345B 7.12 2.800c- 28 108-137 PR00345B 8.54 7.652m-28 185-21 PR00345C 4.54 9.100c- 28 137-161 PR00345D 10.97 1.964m-24 161- 185 PR00345A 13.46 5.645m-16 79-98
1195	PF00995	Sec1 family.	PF00995B 17.37 1.120e
1196	BL00982	Bacterial-type phytoene dehydrogenase proteins.	BL00982A 18.41 6.738e
1197	BL01298	Dihydrodipicolinate reductase proteins.	BL01298A 13.90 5.959e 09 51-73
1203	BL00061	Short-chain dehydrogenases/reductase s family proteins.	BL00061B 25.79 1.000e 14 152-190
1204	PR00118	BETA-LACTAMASE CLASS A SIGNATURE	PR00118F 16.42 9.386e 09 213-229
1206	BL01183	ubiE/COQ5 methyltransferase family proteins.	BL01183B 21.31 1.429e 37 184-229 BL01183D 27.71 8.535e-27 264- 307 BL01183A 13.25 3.250e-23 51-73 BL01183C 10.77 5.295e 09 246-258
1208	BL00979	G-protein coupled receptors family 3 proteins.	BL00979L 20.63 2.485e 09 105-146
1209	PF00023	Ank repeat proteins.	PF00023A 16.03 4.857e 11 49-65 PF00023B 14.20 1.818e-09 45-55
1212	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FINGER SIGNATURE	PR00048A 10.52 7.750m 14 227-241 PR00048A 10.52 4.316m-11 199- 213
1213	PR00450	RECOVERIN FAMILY SIGNATURE	PR00450C 12.22 1.720e 10 20-42 PR00450C 12.22 3.506e-09 56-78 PR00450D 16.58 6.769e 09 44-64
1216	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 5.598e 10 179-230
1219	PR00456	RIBOSOMAL PROTEIN P2 SIGNATURE	PR00456E 3.06 5.348e- 11 249-264
1222	PD00066	PROTEIN ZINC-FINGER METAL-BINDI.	PD00066 13.92 7.231e- 15 295-308 PD00066 13.92 7.231e-15 406- 419 PD00066 13.92 2.286e-12 378-391 PD00066 13.92 7.857e- 12 434-447 PD00066 13.92 3.348e-11 350- 363
1223	BL50058	G-protein gamma subunit profile.	BL50058 27.23 1.000e- 40 13-61
1226	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 8.4398 09 279-330
1227	BL00437	Catalase proximal heme- ligand proteins.	BL00437A 18.82 1.000e 40 49-101 BL00437B 16.28 1.000e-40 114- 168 BL00437C 21.86

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			1.000e-40 190-239 BL00437D 25.72 1.000e- 40 248-301 BL00437E 23.95 1.000e-40 327- 379
1230	BL01160	Kinesin light chain repeat proteins.	BL01160B 19.54 8.297e- 10 6-60
1231	PR00735	GLYCOSYL HYDROLASE FAMILY 8 SIGNATURE	PR00735A 11.19 6.857e- 09 391-405
1232	PR00497	NEUTROPHIL CYTOSOL FACTOR P40 SIGNATURE	PR00497A 6.92 5.553e- 10 158-176
1233	PR00497	NEUTROPHIL CYTOSOL FACTOR P40 SIGNATURE	PR00497A 6.92 5.553e- 10 158-176
1235	BL00866	Carbamoyl-phosphate synthase subdomain proteins.	BL00866B 36.29 2.776e- 09 75-121
1237	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 1.818e- 21 36-79
1243	PR00403	WW DOMAIN SIGNATURE	PR00403B 12.19 1.184e- 11 10-25
1246	PD01168	SYNTHETASE LIGASE PROTEIN ALANYL.	PD01168L 9.47 2.837e- 10 31-46 PD01168L 9.47 4.490e-10 174-189 PD01168L 9.47 7.612e- 10 183-198
1249	BL00018	EF-hand calcium-binding domain proteins.	BL00018 7.41 2.800e-10 183-196
1254	BL00183	Ubiquitin-conjugating enzymes proteins.	BL00183 28.97 2.440e- 36 96-144
1255	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 5.670e- 11 8-52
1256	BL00373	Phosphoribosylglycinamid e formyltransferase proteins.	BL00373C 10.35 3.348e- 12 143-156
1258	PR00011	TYPE III EGF-LIKE SIGNATURE	PR00011B 13.08 3.217e- 10 174-193
1259	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 8.286e- 10 31-40
1261	PR00070	DIHYDROFOLATE REDUCTASE SIGNATURE	PR00070D 11.63 1.000e- 15 112-127 PR00070C 13.09 9.500e-15 51-63 PR00070A 12.92 5.500e- 12 16-27
1262	BL00462	Gamma- glutamyltranspeptidase proteins.	BL00462A 20.89 6.438e- 24 140-183 BL00462B 17.88 5.500e-20 230- 267 BL00462C 27.41 2.023e-11 292-347
1263	BL00038	Myc-type, 'helix-loop- helix' dimerization domain proteins.	BL00038B 16.97 9.455e- 11 62-83
1264	BL01115	GTP-binding nuclear protein ran proteins.	BL01115A 10.22 5.670e- 11 17-61
1266	PR00837	ALLERGEN V5/TPX-1 FAMILY SIGNATURE	PR00837C 17.21 2.714e- 18 165-182 PR00837A 14.77 4.512e-12 86-105 PR00837D 11.12 7.577e- 12 201-215
1269	PR00449	TRANSFORMING PROTEIN P21 RAS SIGNATURE	PR00449C 17.27 9.308e- 22 40-63 PR00449E 13.50 1.000e-15 137- 160 PR00449D 10.79 3.520e-11 102-116
1270	BL00276	Channel forming colicins proteins.	BL00276A 8.87 1.500e- 09 17-29
1275	PD02327	GLYCOPROTEIN ANTIGEN PRECURSOR IMMUNOGLO.	PD02327C 15.47 9.769e- 09 228-243
1276	PR00412	EPOXIDE HYDROLASE	PR00412B 12.59 7.894e-

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
_	NO.		
		SIGNATURE	12 119-135 PR00412C
			11.30 1.857e-11 165-
			179 PR00412A 13.23
1277	PF00756	Putative esterase.	3.400e-11 100-119 PF00756C 14.12 9.538e-
i			10 127-157
1279	BL00134	Serine proteases,	BL00134A 11.96 9.325e-
		trypsin family,	13 128-145
1280	BL01220	histidine proteins. Phosphatidylethanolamine	BL01220C 14.75 9.348e-
1200	BE01220	-binding protein family	15 248-276
		proteins.	15 246-276
1285	BI-00518	Zinc finger, C3HC4 type	BL00518 12.23 2.286e-
		(RING finger), proteins.	10 33-42
1287	PF00791	Domain present in ZO-1	PF00791B 28.49 7.182e-
		and Unc5-like netrin receptors.	11 288-343
1292	PR00802	SERUM ALBUMIN FAMILY	PR00802B 16.51 1.610e-
		SIGNATURE	10 81-105
1297	PR00716	M-PHASE INDUCER	PR00716C 17.65 5.696e-
		PHOSPHATASE SIGNATURE	09 23-44
1298	BL00478	LIM domain proteins.	BL00478B 14.79 6.478e-
			14 268-283
1301	BL00127	Pancreatic ribonuclease	BL00127C 31.49 3.571c
		family proteins.	28 82-126 BL00127B
1302	PR00637	TYPE 3 BOMBESIN RECEPTOR	26.57 8.800e-28 23-68
1302	PRU0637	SIGNATURE	PR00637E 11.27 4.250e- 09 290-306
1307	BL00215	Mitochondrial energy	BL00215A 15.82 5.500e-
		transfer proteins.	17 13-38 BL00215A
			15.82 1.000e-16 226-
			251 BL00215A 15.82
			2.658e-13 107-132
1308	PR00898	VASOPRESSIN V2 RECEPTOR SIGNATURE	PR00898H 11.34 4.682e- 09 552-572
1309	PD00301	PROTEIN REPEAT MUSCLE	PD00301B 5.49 2.731e-
		CALCIUM-BI.	09 390-401
1310	BL00983	Ly-6 / u-PAR domain	BL00983C 12.69 9.654e-
		proteins.	13 73-89 BL00983B
			8.19 3.132e-09 12-22
1313	BL00194	Thioredoxin family	BL00194 12.16 1.900e-
1314	BL00594	proteins.	11 15-28
1314	BE00224	Aromatic amino acids permeases proteins.	BL00594A 16.75 8.969e-
1316	BL00134	Serine proteases,	BL00134A 11.96 9.325e-
	2200234	trypsin family,	13 128-145
		histidine proteins.	20 213
1320	BL00783	Ribosomal protein L13	BL00783C 22.43 6.559e-
		proteins.	24 87-117 BL00783A
			14.55 1.600e-19 8-33
			BL00783B 12.76 3.500e-
1327	PF00514	Armadillo/beta-catenin-	12 74-86
1321	FF00514		PF00514A 31.30 7.268e-
1329	BL00030	like repeat proteins.  Eukaryotic RNA-binding	BL00030A 14.39 6.294e-
		region RNP-1 proteins.	11 129-148 BL00030B
		and a processio.	7.03 4.789e-09 168-178
1331	PR00497	NEUTROPHIL CYTOSOL	PR00497A 6.92 7.239e-
		FACTOR P40 SIGNATURE	09 25-43
1332	PR00161	NICKEL-DEPENDENT	PR00161C 9.51 4.930e-
		HYDROGENASE/B-TYPE	09 317-337
		CYTOCHROME SIGNATURE	
1333	PD01066	PROTRIN ZINC FINGER	PD01066 19.43 6.769e-
	I	ZINC-FINGER METAL-	33 10-49
1336	PR00700	BINDING NU. PROTEIN TYROSINE	PR00700D 12.47 2.200e-
1330	PROGRAG	PHOSPHATASE SIGNATURE	09 262-281
1337	PR00700		PRO0700D 12 47 2 2004-
1337	PR00700	PROTEIN TYROSINE	PR00700D 12.47 2.200e-

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		
1340	I	PHOSPHATASE SIGNATURE	09 211-230
	PR00860	VERTEBRATE METALLOTHIONEIN SIGNATURE	PR00850A 5.46 5.034e- 13 5-18
1341	BL00893	mutT domain proteins.	BL00893 18.99 6.750e- 16 46-71
1343	BL01282	BIR repeat proteins.	BL01282B 30.49 5.974e- 21 383-422
1344	DM00099	4 kw A55R REDUCTASE TERMINAL	DM00099B 14.73 8.313e- 09 417-427
		DIHYDROPTERIDINE.	
1345	BL00923	Aspartate and glutamate racemases proteins.	BL00923B 11.41 5.935e- 10 135-146
1348	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 7.231e- 13 44-57
1350	PR00193	MYOSIN HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00193D 14.36 3.571e- 32 416-445 PR00193C 12.60 6.318e-31 179- 207 PR00193B 11.69 3.571e-24 133-159 PR00193E 19.47 9.069e- 22 470-499 PR00193L 15.41 1.788-20 77-97
1352	PR00447	NATURAL RESISTANCE- ASSOCIATED MACROPHAGE PROTEIN SIGNATURE	15.41 1.7836-20 77-97 PRO0447P 9.73 1.5546- 15 299-319 PR00447D 13.54 3.4086-15 200- 224 PR00447A 12.73 6.3576-11 97-124 PR00447G 6.69 9.8776- 10 353-373
1353	BL00303	S-100/ICaBP type calcium	BI/00303A 21.77 6.667e-
r		binding protein.	26 45-82 BL00303B 26.15 1.000e-24 93-130
1355	BL00039	DEAD-box subfamily ATP- dependent halicases proteins.	BL00039D 21.67 5.950e- 29 375-421 BL00039A 18.44 7.136e-29 99-138 BL00039C 15.63 4.000e- 18 225-249 BL00039B 19.19 3.182e-14 141- 167
1357	PF00615	Regulator of G protein signalling domain proteins.	PF00615B 16.25 2.216e- 12 84-101 PF00615C 10.06 8.412e-12 162- 176
1360	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 9.234e- 29 10-49
1361	PR00925	NOMHISTONE CHROMOSOMAL PROTEIN HMG17 FAMILY SIGNATURE	PR00925A 5.47 5.091e- 18 14-29 PR00925B 3.73 6.143e-14 29-42 PR00925C 5.57 4.789e- 12 53-64 PR00925D 6.56 1.857e-10 76-87
1362	BL01272	Glucokinase regulatory protein family proteins.	BL01272B 19.61 6.870e- 30 136-171 BL01272C 11.68 3.314e-25 249- 274 BL01272A 6.49 1.231e-18 99-117
1363	BL01272	Glucokinase regulatory protein family proteins.	BL01272B 19.61 6.870e- 30 113-148 BL01272C 11.68 3.314e-25 226- 251 BL01272A 6.49 1.231e-18 76-94
1364	DM00179	W KINASE ALPHA ADHESION T-CELL.	DM00179 13.97 5.304e- 09 167-177
1368	PR00169	POTASSIUM CHANNEL SIGNATURE	PR00169A 16.77 1.592e-
1370	PR00988	URIDINE KINASE SIGNATURE	PR00988A 6.39 1.794e-

SEQ ID NO	NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			10 1-19
1371	BL00242	Integrins alpha chain proteins.	BL00242B 8.13 8.615e- 09 469-479
1372	PR00625	DNAJ PROTBIN FAMILY SIGNATURE	PR00625B 13.48 7.353e- 19 46-67 PR00625A 12.84 1.391e-16 14-34
1373	BL00434	HSF-type DNA-binding domain proteins.	BL00434C 23.85 3.778e-
1374	PR00962	LETHAL (2) GIANT LARVAE PROTEIN SIGNATURE	09 90-130 PR00962C 8.00 6.337e- 09 505-526
1375	PD02475	MUCIN EPITHELIAL TUMOR- ASSOCIATE.	PD02475A 23.18 8.552e- 10 1111-1150
1376	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 9.571e- 32 24-63
1380	BL00194	Thioredoxin family proteins.	BL00194 12.16 8.333e- 12 48-61
1381	DM01970	0 kw ZK632.12 YDR313C ENDOSOMAL III.	DM01970B 8.60 1.458e- 15 1123-1136
1383	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 7.600e-10
1384	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 7.600e-10 271-282
1385	BF00303	S-100/ICaBP type calcium	BL00303B 26.15 6.203e- 10 95-132
1386	BL01160	binding protein.  Kinesin light chain repeat proteins.	BL01160B 19.54 5.042e- 09 1574-1628
1387	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 1.000e- 11 52-61
1389	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 3.600e- 30 10-49
1390	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 3.512e- 31 32-71
1392	PR00308	TYPE I ANTIFREEZE PROTEIN SIGNATURE	PR00308C 3.83 9.723e- 10 127-137
1393	PR00380	KINESIN HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00380A 14.18 9.625e- 25 88-110 PR00380D 9.93 2.406e-20 304-326 PR00380B 12.64 4.414e- 16 208-226 PR00380C 13.18 6.538e-16 243- 262
1394	PD00066	PROTEIN ZINC-FINGER METAL-BINDI.	DD00066 13.92 3.400e- 14 462-475 PD00066 13.92 8.800e-14 348- 361 PD00066 13.92 9.571e-12 405-418- PD00066 13.92 6.087e- 11 490-503 PD00066 13.92 8.043e-11 320- 333
1398	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 6.786c- 32 10-49
1400	DM01206	CORONAVIRUS NUCLEOCAPSID PROTEIN.	DM01206B 10.69 7.038e- 09 270-290
1406	PD00930	PROTEIN GTPASE DOMAIN ACTIVATION.	PD00930A 25.62 7.324e- 15 363-389
1407	BI-00030	Eukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030A 14.39 7.500e- 10 457-476
1408	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	10 45/-4/6 PR00019A 11.19 9.550e- 11 179-193 PR00019A 11.19 8.826e-10 228- 242 PR00019B 11.36 1.360e-09 199-213 PR00019B 11.36 4.960e-

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		
			09 176-190
1409	PR00510	NEBULIN SIGNATURE	PR00510A 9.09 4.150e-
			12 182-202 PR00510B
			12.96 8.767e-12 210-
		i	230 PR00510F 9.88
			8.172e-10 58-75
			PR00510D 9.21 2.367e-
			09 251-267
1410	PD00078	REPEAT PROTEIN ANK	PD00078B 13.14 5.696e-
		NUCLEAR ANKYR.	09 31-44
1412	BL00358	Ribosomal protein L5	BL00358B 22.76 1.000e-
		proteins.	40 57-103 BL00358C
			13.75 6.087e-14 122-
			136 BL00358D 14.26
			5.500e-13 143-158
	1		BL00358A 13.06 1.931e-
	1		11 33-44
1414	BL00282	Kazal serine protease	BL00282 16.88 7.338e-
		inhibitors family	10 511-534
		proteins.	
1415	BL00023	Type II fibronectin	BL00023 24.31 4.300e-
	1	collagen-binding domain	29 40-77
		proteins.	29 40-77
1417	PR00681	RIBOSOMAL PROTEIN SI	PR00681G 12.54 2.149e-
	FROUGUL	SIGNATURE	09 38-60
1418	DM00973	3 kw RESISTANCE BENOMYL	
7470	DM00973		DM00973A 21.17 1.462e-
1419	Process	YLL028W CYCLOHEXIMIDE.	09 171-208
1419	PR00319	BETA G-PROTEIN	PR00319B 11.47 1.571e-
		(TRANSDUCIN) SIGNATURE	09 428-443
1420	PD01941	TRANSMEMBRANE	PD01941A 14.81 1.000c-
		COTRANSPORTER SYMP.	40 142 196 PD01941B
			15.02 7.049e-30 400-
			447 PD01941E 15.92
			2.475e-20 817-864
			PD01941C 19.96 3.118e-
			19 488-543 PD01941D
	j	j	27.18 9.614e-18 641-
			690 PD01941F 28.52
			5.382e-15 1038-1093
1422	PR00205	CADHERIN SIGNATURE	PR00205B 11.39 8.043e-
			12 199-217
1423	PR00209	ALPHA/BETA GLIADIN	PR00209B 4.88 6.318e-
		FAMILY SIGNATURE	11 1009-1028
1424	B1-50002	Src homology 3 (SH3)	BL50002A 14.19 8.200m-
		domain proteins profile,	14 367-386 BL50002A
		procuring process.	14.19 9.250e-12 298-
			317 BL50002A 14.19
	1		4.462e-11 208-227
			BL50002B 15.18 1.000e-
			09 244-258
1425	PF00628	PHD-finger.	
	1.00020	rm-linger.	PF00628 15.84 3.045e-
1426	77700570	NUM C	12 330-345
T#50	PF00628	PHD-finger.	PF00628 15.84 3.045e-
1427			12 377-392
1627			
	PR00405	HIV REV INTERACTING	PR00405B 11.83 5.114e-
	PR00405	HIV REV INTERACTING PROTEIN SIGNATURE	16 281-299 PR00405A
	PR00405		16 281-299 PR00405A 17.71 4.30Ge-14 262-
		PROTEIN SIGNATURE	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282
1428	PR00405	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-	16 281-299 PR00405A 17.71 4.30Ge-14 262-
1428		PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282
	BĽ00039	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases proteins.	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e-
1428		PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases proteins.	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193
	BĽ00039	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PR00320C 13.01 8.920e-
	BL00039 PR00320	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-dependent helicases proteins.  G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE	16 281-299 PRO0405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PRO0320C 13.01 8.920e- 10 577-592
1429	BĽ00039	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-dependent helicases proteins. G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE INOSITOD PHOSPHATASE	16 281-299 PR00405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PR00320C 13.01 8.920e- 10 577-592 PR00379D 16.86 7.563e-
1429	BL00039 PR00320	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-dependent helicases proteins.  G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE	16 281-299 PRO0405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PR00320C 13.01 8.920e- 10 577-592 PR00378D 16.86 7.563e- 12 295-314 PR00378B
1429	BL00039 PR00320	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-dependent helicases proteins. G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE INOSITOD PHOSPHATASE	16 281-299 PROMOSS 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PR00320C 13.01 8.920e- 10 577-592 PR00378D 16.86 7.563e- 12 295-314 PR00378B 13.80 8.650e-10 166-
1429	BL00039 PR00320	PROTEIN SIGNATURE  DEAD-box subfamily ATP-dependent helicases proteins. G-PROTEIN BETA WD-40 REPEAT SIGNATURE INOSITOD PHOSPHATASE	16 281-299 PRO0405A 17.71 4.306e-14 262- 282 BL00039D 21.67 5.219e- 34 147-193 PR00320C 13.01 8.920e- 10 577-592 PR00378D 16.86 7.563e- 12 295-314 PR00378B

SEQ ID NO	: ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
		PROTEIN SIGNATURE	10 103 124
1433	BL01113	Clq domain proteins.	BL01113B 18.26 7.049e-
	i	1	15 14-50 BL01113C 13.18 7.000e-12 82-102
1434	PR00319	BETA G-PROTEIN	PR00319B 11.47 7.983e-
1434	PR00315	(TRANSDUCIN) SIGNATURE	10 135-150
1436	BL00030	Eukaryotic RNA-binding	BL00030A 14.39 1.000e-
		region RNP-1 proteins.	12 84-103
1438	BL00290	Immunoglobulins and	BL00290B 13.17 2.500e-
		major histocompatibility	09 250-268 BL00290A
		complex proteins.	20.89 4.000e-09 188-
			211
1440	PR00806	VINCULIN SIGNATURE	PR00806B 4.28 4.960e-
		VINCULIN SIGNATURE	09 38-52
1441	PR00806	VINCULIN SIGNATURE	PR00806B 4.28 4.960e-
1444	BL00422	Granins proteins.	BL00422D 19.48 1.000c-
Tees	BL00422	Granins proceins.	08 114-138
1445	PD01841	PHOSPHORYLASE KINASE	PD01841A 21.71 1.000e-
1445	1201041	ALPHA MUSCL.	40 73-123 PD01841B
			14.35 1.000e-40 144-
			185 PD01841D 17.87
		i i	1.000e-40 206-258
			PD01841F 13.36 1.000e-
			40 296-345 PD01841G
			24.26 1.000e-40 349-
			403 PD01841I 23.00
			1.000e-40 494-536
			PD01841J 14.94 1.000e- 40 895-932 PD01841L
			18.42 1.000e-40 1083-
			1125 PD01841E 18.60
			9.719e-38 258-296
			PD01841K 14.81 1.000e-
			35 1041-1071 PD01841H
			21.30 3.189e-31 435-
		Į.	472 PD01841C 13.78
		1	1.000e-25 185-206
			PD01841M 10.82 1.250e-
1446	PF00816	H-NS histone family.	20 1175-1194 PF00816B 13.84 8.875e-
1446	PF00816	H-NS histone ramily.	09 190-220
1447	PR00048	C2H2-TYPE ZINC FINGER	PR00048A 10.52 2.080e-
1447	FROODIS	SIGNATURE	09 402-416
1448	DM00315	072 RIBONUCLEASE	DM00315D 18.40 7.393e-
		INHIBITOR.	09 23-67
1451	BL00030	Eukaryotic RNA-binding	BL00030B 7.03 2.800e-
		region RNP-1 proteins.	10 94-104
1454	DM01688	2 POLY-IG RECEPTOR.	DM01688D 13.44 7.146e-
			09 382-405
1455	PF00777	Sialyltransferase	PF00777C 18.60 2.929e-
		family.	22 4-59
1457	BL00927	Trehalase proteins.	BL00927C 10.83 8.085e-
1460	BL00545	311	09 42-53
1460	BL00545	Aldose 1-epimerase proteins.	BL00545C 11.28 7.353e- 17 169-182 BL00545A
		proceins.	10.20 2.071e-15 73-89
			BL00545B 13.10 3.942e-
			09 140-153
1466	PR00097	ANTHRANILATE SYNTHASE	PR00097C 9.42 9.069e-
		COMPONENT II SIGNATURE	09 233-245
1472	BL01129	Hypothetical	BL01129E 13.25 S.250e-
	1	yab0/yceC/sfhB family	22 170-195 BL01129C
		proteins.	25.56 9.526e-18 63-106
1473	BL00790	Receptor tyrosine kinase	BL007901 20.01 2.821e-
		class V proteins.	09 2114-2145
1475	PFC0686	Starch binding domain	PF00686A 13.45 9.100e-
		proteins.	09 267-277

SEQ ID N	NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
1477	PF00566	Probable rabGAP domain proteins.	PF00566A 12,64 7.333e- 10 466-476
1478	BL00030	Eukaryotic RNA-binding region RNP-1 proteins.	BL00030B 7.03 9.400e- 10 43-53
1479	DM00406	GLIADIN.	DM00406 7.73 8.541e-10 292-305
1480	BL00290	Immuneglobulins and major histocompatibility complex proteins.	BL00290B 13.17 2.385e- 15 69-87 BL00290A 20.89 5.091e-11 12-35
1481	PR00150	PHOSPHOENOLPYRUVATE CARBOXYLASE SIGNATURE	PR00150F 10.45 9.039e- 09 21-51
1482	PF00780	Domain found in NTK1- like kinases, mouse citron and yeast ROM.	PF00780I 14.69 4.825a- 09 107-137
1483	BL01160	Kinesin light chain repeat proteins.	BL01160B 19.54 1.153e-
1485	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 5.909e- 25 17-56
1486	BL00107	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107B 13.31 1.529e-
1488	BL00039	DEAD-box subfamily ATP- dependent helicases proteins.	BL00039D 21.67 9.586e- 10 116-162
1490	BL00166	Enoyl-CoA hydratase/isomerase proteins.	BL00166D 22.87 2.607e- 24 190-226 BL00166C 18.93 5.500e-14 140- 167 BL00166B 16.92 9.357e-11 93-115
1491	BL00452	Guanylate cyclases proteins.	BL00452D 28.59 3.700e- 31 63-106 BL00452B 11.92 3.045e-13 115- 131
1492	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	PR00019A 11.19 3.667e- 09 532-546
1497	BL00107	Protein kinases ATP- binding region proteins.	BL00107B 13.31 1.000e- 11 384-400 BL00107A 18.39 5.345e-11 322- 353
1500	PF00876	Ogre family.	PF00876E 7.99 1.947e- 10 107-117
1502	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 4.789e- 24 112-155
1503	BL00027	'Homeobox' domain proteins.	BL00027 26.43 4.789e- 24 112-155
1505	BL01177	Anaphylatoxin domain proteins.	BL01177E 20.64 5.800e- 24 448-475 BL01177C 17.39 5.333e-19 402- 421 BL01177B 13.61 7.840e-16 155-171 BL01177D 17.50 1.900e- 15 427-445
1506	BL00972	Ubiquitin carboxyl- terminal hydrolases family 2 proteins.	BL00972D 22.55 5.500e- 14 311-336 BL00972A 11.93 7.429e-14 48-66 BL00972E 20.72 8.759e- 10 341-363
1512	BL00523	Sulfatases proteins.	BL00523E 19.27 4.536e- 22 76-106 BL00523D 9.89 1.563e-11 40-52 BL00523F 10.85 4.162e- 09 159-170 BL00523G 9.46 5.333e-09 256-266
1516	BL00914	Syntaxin / epimorphin family proteins.	BL00914 24.91 7.045e- 14 168-218
1518	BL00600	Aminotransferases class- III pyridoxal-phosphate attachment si.	BL00600A 17.98 6.143e- 19 98-122 BL00600E 16.43 1.771e-17 302-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
	140.	<del></del>	331 BL00600G 12.43
ĺ			9.625e-17 377-396
			BL00600B 19.60 5.091e-
			15 160-186 BL00600C
1			16.18 6.040e-12 190-
			206 BL00600F 8.77
	1	1	1.000e-11 343-356
			BL00600D 8.71 1.000e-
			10 281-295
1523	PD00930	PROTEIN GTPASE DOMAIN	PD00930B 33.72 9.600e-
1		ACTIVATION.	18 41-82
1528	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40	PR00320B 12.19 4.774e-
	1200000	REPEAT SIGNATURE	11 192-207 PR00320B
			12.19 8.839e-11 272-
			287 PR00320B 12.19
İ			9.743e-10 106-121
l	Į.	1	PR00320A 16.74 1.878e-
			09 192-207 PR00320A
1			16.74 2.317e-09 106-
1			121 PR00320A 16.74
			8.683e-09 272-287
1	1		PR00320C 13.01 8.800e-
			09 106-121
1538	DM01970	0 kw ZK632.12 YDR313C	DM01970B 8.60 4.508e-
		ENDOSOMAL III.	15 171-184
1539	PF00781	Diacylglycerol kinase	PF00781D 11.11 7.593e-
	1	catalytic domain	10 103-127
		proteins (presumed).	10 103-127
1540	PR00965	OCULAR ALBINISM TYPE 1	PR00965H 10.73 1.231e-
1540	FK00363	PROTEIN SIGNATURE	29 312-334 PR00965E
		PROTEIN SIGNATURE	12.93 5.846e-29 172-
			195 PR00965F 5.98
			1.123e-28 209-231
			PR00965C 15.04 1.000e-
			27 131-151 PR00965D
			5.84 1.000e-27 150-170
			PR00965G 8.52 2.440e-
			27 258-279 PR00965B
	ł	l .	4.80 8.650e-26 88-109
			PR00965A 12.52 1.000e-
			25 35-55 PR00965I
			3.91 6.442e-25 385-406
1541	BL01013	Oxysterol-binding	BL01013D 26.81 9.719e-
	2202023	protein family proteins.	17 163-207
1543	PD02699	PROTEIN DNA-BINDING	PD02699C 24.84 1.000e-
47	1202033	BINDING DNA.	40 599-646 PD02699A
		DINDING DRM.	8.91 2.286e-34 219-248
			PD02699B 18.28 6.143e-
			21 485-509
1544	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN	PR00049D 0.00 7.857e-
	* 100049	SIGNATURE	10 182-197 PR00049D
		DAGMATORS	0.00 7.102e-09 67-82
1547	BL00951		BL00951C 19.35 1.000e-
2341	PPOGAPT	ER lumen protein retaining receptor	BL00951C 19.35 1.000e- 40 93-142 BL00951D
	1	proteins.	13.94 8.714e-40 142-
		1	177 BL00951A 15.10
			1.000e-38 2-38 .
		1	BL00951B 14.23 6.250e-
1548	BL00536		33 38-69
T348	PP00236	Ubiquitin-activating	BL00536F 13.65 8.920e-
	1	enzyme proteins.	30 279-318 BL00536D
	1	1	22.91 5.737e-24 21-65
		1	BL00536E 16.94 4.696e-
			18 248-279
1549	PR00139	ASPARAGINASE/GLUTAMINASE	PR00139C 11.72 9.679e-
		FAMILY SIGNATURE	09 550-569
1553	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN	PR00049D 0.00 5.119e-
	L	SIGNATURE	09 58-73

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
1556	NO. BL00061	Short-chain	BL00061B 25.79 6.276e-
1330	BE00061	dehydrogenases/reductase s family proteins.	13 67-105
1557	B501228	Hypothetical cof family proteins.	BL01228D 17.44 8.105e- 12 107-132
1558	BL01228	Hypothetical cof family proteins.	BL01228D 17.44 8.105e- 12 107-132
1559	BL01228	Hypothetical cof family proteins.	BL01228D 17.44 8.105e- 12 107-132
1562	BL00522	DNA polymerase family X proteins.	BLU0522C 11.90 6.600e- 18 412-436 EL0052E 27.30 1.738e-16 364- 410 BL005222 25.52 6.000e-16 279-326 BL00522E 19.63 6.123e- 14 502-532 BL00522F 14.90 2.385e-13 551- 575
1563	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 1.947e-
1564	BL00299	Ubiquitin domain proteins.	BL00299 28.84 2.823c- 10 324-376
1566	BL01013	Oxysterol-binding protein family proteins.	BL01013D 26.81 8.594e- 17 184-228 BL01013C 9.97 4.906e-12 14-24
1567	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 3.400e-10 378-389 BL00678 9.67 5.800e-10 418-429 BL00678 9.67 8.800e-10 295-306
1570	BL00479	Phorbol esters / diacylglycerol binding domain proteins.	BL00479B 12.57 5.235e- 17 297-313 BL00479A 19.86 6.625e-15 271- 294 BL00479A 19.86 2.667e-14 147-170 BL00479B 12.57 6.294e- 12 173-189
1576	PR00685	OXYTOCIN RECEPTOR SIGNATURE	PRO0665G 12.36 4.675e- 24 364-384 PRO0665D 9.93 1.200e-22 138-155 PRO0665F 11.73 4.000e- 22 337-354 PRO0665C 5.89 1.000e-20 65-80 PRO0665B 8.29 4.337e- 19 24-39 PRO0665E 5.60 2.929e-15 246-250 PRO0665A 5.99 5.622e- 15 11-25
1577	DM00099	4 kw A55R REDUCTASE TERMINAL DIHYDROPTERIDINE.	DM00099B 14.73 9.308e- 10 127-137
1579	BL00524	Somatomedin B domain proteins.	BL00524A 9.65 6.776e- 14 52-73
1580	PD02894	HYDROLASE N4 - PRECURSOR PROTEIN SIGNAL BE.	PD02894B 13.93 6.959e- 16 182-215 PD02894A 21.96 2.125e-10 57-103
1581	BI <sub>2</sub> 00411	Kinesin motor domain proteins.	BL00411C 15.04 5.292e- 12 32-54 BL00411H 15.66 4.441e-11 245- 276
1582	PR00604	CLASS IA AND IB CYTOCHROME C SIGNATURE	PR00604A 11.13 2.440e- 09 79-87
1584	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 1.000e- 10 225-238
1585	DM01551	kw OSTEOINDUCTIVE YOPM MEMBRANE OUTER.	DM01551C 14.62 9.455e-
1586	DM01354	kw TRANSCRIPTASE REVERSE II ORF2.	DM01354S 11.61 7.750e-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
1587	PR00072	MALIC ENZYME SIGNATURE	PR00072B 13.77 7.955c 33 180-210 PR00072A 12.75 6.040e-25 12.0 145 PR00072C 11.42 2.286e-24 216-239 PR00072B 10.77 3.400e- 22 276-295 PR00072B 10.54 1.360e-19 301- 318 PR00072G 10.45 5.304e-19 433-450 PR00072F 8.87 5.935e-
1589	BL00191	Cytochrome b5 family, heme-binding domain proteins.	BL00191H 15.64 1.537e- 22 61-113 BL00191K 17.38 9.027e-12 398- 442
1590	DM01970	0 kw ZK632.12 YDR313C ENDOSOMAL III.	DM01970B 8.60 7.716e- 13 211-224 DM01970B 8.60 2.157e-12 94-107
1591	DM00517	5 kw NUCLEAR 60.7 NUP1 CHROMOSOME.	DM00517B 10.96 6.625e- 16 1175-1193 DM00517A 8.21 1.000e-11 1015- 1026
1592	BL00037	Myb DNA-binding domain proteins repeat proteins proteins.	BL00037R 15.92 3.250e- 27 116-142 BL00037A 16.68 2.500e-24 83-107 BL00037A 16.68 3.250e- 12 31-55 BL00037B 15.92 3.526e-11 64-90 BL00037C 16.86 9.654e- 10 146-164
1595	BL00028	Zinc finger, C2H2 type, domain proteins.	BL00028 16.07 1.514e- 09 110-127
1598	PF00628	PHD-finger.	PF00628 15.84 3.250e- 11 1667-1682
1599	PR00014	FIBRONECTIN TYPE III REPEAT SIGNATURE	PR00014D 12.04 5.500e- 09 980-995
1600	BL00518	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger), proteins.	BL00518 12.23 6.571e- 10 30-39
1602	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 5.402e- 10 136-187
1605	PF00651	BTB (also known as BR- C/Ttk) domain proteins.	PF00651 15.00 3.571e- 10 44-57
1607	BL00252	Interferon alpha, beta and delta family proteins.	BL00252A 18.49 6.657e- 23 20-57 BL00252B 19.78 9.125e-16 58-109
1610	DM00215	PROLINE-RICH PROTEIN 3.	DM00215 19.43 1.000e- 08 61-94
1611	BL00904	Protein prenyltransferases alpha subunit repeat proteins proteins.	BL00904C 8.98 7.353e- 10 91-125 BL00904D 1.47 6.018e-09 127-168
1612	PF00168	C2 domain proteins.	PF00168C 27.49 3.250e- 09 365-391
1613	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 6.051e- 09 932-983 BL00412D 16.54 7.153e-09 933- 984
1614	BL00559	Bukaryetic molyhdopterin oxidoreductases proteins.	BL00559I 13.63 3.531e- 25.54-83 BL00559K 13.17 2.957e-18 197- 224 BL00559J 19.63 6.870e-16 124-176 BL00559L 13.60 9.000e- 16 266-284
1615	PD01427	TRANSFERASE METHYLTRANSFERASE BI.	PD01427B 22.45 3.025e- 22 500-541 PD01427A 19.94 8.773e-18 439-

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
			472
1616	BL00115	Bukaryotic RNA	BL00115Z 3.12 7.485e-
	5500115	polymerase 1I	09 152-201 BL00115Z
		heptapeptide repeat	3.12 9.603e-09 145-194
		proteins.	3.12 9.6036-09 145-194
1617	BL00303	S-100/1CaBP type calcium	BL00303B 26.15 7.750e-
1617	BE00203		
		binding protein.	32 51-88 BL00303A
			21.77 1.947e-31 4-41
1618	BL01254	Fetuin family proteins.	BL01254F 10.02 8.754e-
			09 137-147
1619	PD01888	PEPTIDE REDUCTASE	PD01888B 25.10 1.000e-
		PROTEIN METHI.	40 47-97 PD01888C
		1	21.56 7.000e-30 125-
		1	155 PD01888A 12.84
			8.800e-15 7-23
1621	PR00239	MOLLUSCAN RHODOPSIN C-	
1621	PR00239		PR00239E 1.58 3.455e-
		TERMINAL TAIL SIGNATURE	09 692-704 PR00239E
			1.58 4.580a-09 697-709
			PR00239E 1.58 4.580e-
	1		09 702-714 PR00239E
	1		1.58 5.193e-09 703-715
1622	PR00860	VERTEBRATE	PR00860B 7.04 1.900e-
		METALLOTHIONEIN	18 27-41 PR00860C
		SIGNATURE	9.61 1.474e-14 41-51
			PR00860A 5.46 1.720s-
			14 5-18
1624	PR00784	MITOCHONDRIAL BROWN FAT	PR00784D 15.86 8.027e-
		UNCOUPLING PROTEIN	11 77-95
		SIGNATURE	
1626	BL00325	Actin-depolymerizing	BL00325B 21.66 1.000e-
1010	2200323	proteins.	40 93-139 BL00325A
		proteins.	
			24.83 6.786e-23 61-93
1631	BL00064	L-lactate dehydrogenase	BL00064B 23.57 1.000e-
		proteins.	40 82-130 BL00064C
			17.28 1.000e-40 137-
			182 BL00064E 27,20
			1.000e-40 223-275
			BL00064F 25.14 7.882e-
			36 286-331 BL00064A
			21.16 1.000e-33 22-60
			BL00064D 14.19 6.500e-
			31 182-212
1632	PR00063	RIBOSOMAL PROTEIN L27	PR00063B 15.24 9.700e-
		SIGNATURE	11 59-84 PR00063A
			11.71 1.614e-09 34-59
1634	PR00239	MOLLUSCAN RHODOPSIN C-	PR00239D 0.00 1.105e-
	1	TERMINAL TAIL SIGNATURE	11 36-49 PR00239C
			3.51 2.538e-09 37-45
1636	BL01210	Caveolins proteins.	BL01210B 13.92 9.531e-
2000	PROTETO	Cavediins proceins.	
			10 133-183
1637	BL00982	Bacterial-type phytoene	BL00982A 18.41 5.388e-
	1	dehydrogenase proteins.	11 11-43
1639	BL01183	ubiE/COQ5	BL01183B 21.31 8.144e-
	1	methyltransferase family	12 132-177
	1	proteins.	
1640	PR00015	GRAM-POSITIVE COCCUS	PR00015B 9.84 8.468e-
2010	1100013	SURFACE PROTEIN ANCHOR	10 128-149
	I		10 128-149
		SIGNATURE	
1641	PR00320	G-PROTEIN BETA WD-40	PR00320B 12.19 5.935e-
1011	1	REPEAT SIGNATURE	11 364-379 PR00320A
1011			16.74 7.828e-11 364-
1011			
1011			
1041			379 PR00320C 13.01
1041		·	2.800e-10 279-294
1041		·	2.800e-10 279-294 PR00320C 13.01 2.800e-
1011		·	2.800e-10 279-294 PR00320C 13.01 2.800e- 10 364-379 PR00320B
1011			2.800e-10 279-294 PR00320C 13.01 2.800e- 10 364-379 PR00320B 12.19 5.114e-10 279-
1011		·	2.800e-10 279-294 PR00320C 13.01 2.800e- 10 364-379 PR00320B

SEQ ID NO:	ACCESSION	DESCRIPTION	RESULTS*
	NO.		PR00320A 16.74 2.098e-
	ł		09 229-244
1642	PF00023	Ank repeat proteins.	PF00023A 16.03 6.464e;
			09 114-130
1643	PR00169	POTASSIUM CHANNEL SIGNATURE	PR00169A 16.77 1.806e-
1644	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat	BL00678 9.67 2.200e-10
		proteins proteins.	109-120 BL00678 9.67
	L		5.737e-09 528-539
1645	BL01108	Ribosomal protein L24	BL01108A 20.33 7.366e-
1646	PR00380	proteins. KINESIN HEAVY CHAIN	17 56-89 PR00380A 14.18 9.270e-
	1200000	SIGNATURE	21 103-125 PR00380D
			9.93 6.308e-18 386-408
			PR00380C 13.18 7.923e-
			16 332-351 PR00380B
			310
1647	DM01242	3 THREONINE TRNA	DM01242C 17.15 9.791e-
		LIGASE.	37 340-381 DM01242E
			23.00 5.071e-31 463- 505 DM01242D 23.29
	1		3.925e-30 420-463
			DM01242B 23.57 8.054e-
			18 265-314 DM01242F
			10.61 7.618e-14 526- 540
1649	PD00126	PROTEIN REPEAT DOMAIN	PD00126A 22.53 5.500e-
		TPR NUCLEA.	10 13-34
1651	BL01160	Kinesin light chain	BL01160B 19.54 6.720e-
1652	BL00933	repeat proteins. FGGY family of	11 431-485 BL00933A 17.50 4.673e-
1652	PP0033	carbohydrate kinases	12 11-35 BL00933E
		proteins.	13.80 9.217e-09 456-
			472
1.653	BL00795	Involucrin proteins.	BL00795C 17.06 2.988e- 10 70-115
1654	BL00982	Bacterial-type phytoene	BL00982A 18.41 7.750e-
		dehydrogenase proteins.	17 302-334
1655	BL00982	Bacterial-type phytoene	BL00982A 18.41 7.750e-
	D. 00744	dehydrogenase proteins. Guanine-nucleotide	17 282-314
1656	BL00741	dissociation stimulators	BL00741B 14.27 1.391e- 16 607-630
	,	CDC24 family sign.	20 007 000
1657	PR00449	TRANSFORMING PROTEIN P21	PR00449A 13.20 7.938e-
	PR00910	RAS SIGNATURE LUTEOVIRUS ORF6 PROTEIN	11 114-136
1658	PR00910	SIGNATURE	PR00910A 2.51 8.889e-
1659	BL00972	Ubiquitin carboxyl-	BL00972D 22.55 4.140e-
		terminal hydrolases	12 376-401 BL00972E
		family 2 proteins.	20.72 5.629e-09 446-
1660	BL00406	Actins proteins.	468 BL00406D 12.58 8.767e-
2000	DINOTIO	Accins proceins.	15 188-243
1661	PR00105	CYTOSINE-SPECIFIC DNA	PR00105A 10.36 4.900e-
		METHYLTRANSFERASE	13 1140-1157 PR00105B
		SIGNATURE	12.32 2.800e-12 1259- 1274 PR00105C 10.86
			1.000e-10 1305-1319
1662	BP00580	Pancreatic trypsin	BL00280 24.61 3.172e-
		inhibitor (Kunitz)	33 3119-3163
1663	711000110	family proteins.	
1003	PR00319	BETA G-PROTEIN (TRANSDUCIN) SIGNATURE	PR00319D 11.64 6.625e- 23 107-125 PR00319C
		(ALGENODOCIN) SIGNATURE	13.41 5.714e-20 89-105
			PR00319A 15.27 5.286e-
		[	19 51-68 PR00319B
	1	1	11.47 8.200e-19 70-85

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
1664	BL00018	EF-hand calcium-binding domain proteins.	BL00018 7.41 5.050e-10
1667	PD01.066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL BINDING NU.	ED01066 19.43 8.500e- 38 7-46
1669	BL01153	NOL1/NOP2/sun family proteins.	BL01153D 19.69 1.188e- 17 115-141 BL01153C 13.67 8.977e-15 66-80 BL01153B 20.52 1.885e- 10 13-37
1671	PR00678	PI3 KINASE P85 REGULATORY SUBUNIT SIGNATURE	PRC0678H 9.13 3.100e- 10 1146-1169
1672	BL00598	Chromo domain proteins.	BL00598 14.45 8.500e- 20 27-49
1673	PR00326	GTP1/OBG GTP-BINDING PROTEIN FAMILY SIGNATURE	PR00326A 8.75 8.329e- 09 686-707
1674	PR00049	WILM'S TUMOUR PROTEIN SIGNATURE	PR00049D 0.00 7.580e- 11 343-358 PR00049D 0.00 1.286e-10 342-357
1676	PR00747	GUYCOSYL HYDROLASE FAMILY 47 SIGNATURE	PRO0747II 12.76 8.635e- 13 427-448 PRO07470 14.50 2.285e-18 358- 339 PRO0747C 12.06 7.500e-18 112-131 PRO0747A 14.05 4.600e- 17 42-63 PRO0747D 15.23 6.759e-17 163- 183 PRO0747E 15.13 8.244e-15 254-272 PRO0747B 7.65 5.355e- 13 75-96 PRO0747F 13.56 8.714e-10 311- 328
1677	PR00747	GLYCOSYL MYDROLASE FAMILY 47 SIGNATURE	PR00747H 12.76 8.636e-19 309-330 PR00747G 14.50 2.286e-18 250-275 PR00747C 12.06 7.500e-18 112-131 PR00747A 14.05 4.600e-17 42-63 PR00747B 7.65 5.355e-13 75-90 PR00747F 13.56 8.714e-10 193-210 193-20
1680	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 4.600e-10 406-417 BL00678 9.67 6.684e-09 320-331
1681	BL00678	Trp-Asp (WD) repeat proteins proteins.	BL00678 9.67 4.600e-10 329-340 BL00678 9.67 6.684e-09 243-254
1683	PR00326	GTP1/OBG GTP-BINDING PROTEIN FAMILY SIGNATURE	PR00326A 8.75 1.346e- 13 389-410
1685	PR00646	RDC1 ORPHAN RECEPTOR SIGNATURE	PR00646H 6.32 4.188e- 09 755-771
1690	Bh01160	Kinesin light chain repeat proteins.	BL01160B 19.54 6.644e-
1691	PR00456	RIBOSOMAL PROTEIN P2 SIGNATURE	PR00456E 3.06 7.281e- 10 418-433 PR00456E 3.06 7.281e-10 419-434 PR00456E 3.06 8.125e- 10 420-435
1692	PR00456	RIBOSOMAL PROTEIN P2 SIGNATURE	PRO0456E 3.06 7.281e- 10 487-502 PR00456E 3.06 7.281e-10 488-503 PR00456E 3.06 8.125e- 10 489-504
L693	BL00674	AAA-protein family proteins.	BL00674C 22.60 8.043e- 24 274-317 BL00674B

SEQ ID NO	ACCESSION NO.	DESCRIPCION	RESULTS*
	·		4.46 4.000c-23 241-263 BL00674D 23.41 8.560e- 18 338-385 BL00674E 15.24 1.720e-15 414- 434
1697	PR00409	PHTHALATE DIOXYGENASE REDUCTASE FAMILY SIGNATURE	PR00409F 12.70 4.388e- 10 427-447
1698	PR00466	CYTOCHROME B-245 HEAVY CHAIN SIGNATURE	PR00466C 10.17 3.443e- 13 187-208 PR00466B 5.03 5.500e-11 162-186 PR00466F 9.16 6.159e- 09 498-517
1699	BL00028	Zinc finger, C2M2 type, domain proteins.	BL00028 16.07 9.217e- 12 283-300 BL00028 16.07 3.769e-11 255- 272 BL00028 16.07 5.154e-11 171-18 BL00028 16.07 5.500e- 11 227-224 BL00028 16.07 1.600e-10 199- 216
1700	BL01019	ADP-ribosylation factors family proteins.	BL01019A 13.20 3.348e- 15 62-102 BL01019B 19.49 4.000e-15 107-
1703	PD01066	PROTEIN ZINC FINGER ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	PD01066 19.43 2.484e- 12 200-239
1707	PR00109	TYPOSINE KINASE CATALYTIC DOMAIN SIGNATURE	PR00109B 12.27 4.558c- 14 134-153
1710	PR00019	LEUCINE-RICH REPEAT SIGNATURE	PR00019A 11.19 2.565e- 10 116-130 PR00019B 11.36 4.600e-09 113- 127 PR00019B 11.36 7.120e-09 204-218
1711	BL01159	WW/rsp5/WWP domain proteins.	BL01159 13.85 6.523e- 11 232-247 BL01159 13.85 5.408e-10 613- 628
1712	PF00023	Ank repeat proteins.	PF00023& 16.03 7.000e- 10 187-203
1713	PF00642	Zinc finger C-x8-C-x5-C- x3-H type (and similar).	PF00642 11.59 9.550e- 11 230-241
1715	BD01115 ·	Zinc finger C-x8-C-x5-C- x3-H type (and similar). GTP-binding nuclear	PF00642 11.59 9.550e- 11 230-241 BL01115A 10.22 7.129e-
1718	BI-00353	protein ran proteins. HMG1/2 proteins.	09 7-51 BL00353C 14.83 6.018e-
			10 136-183 BL00353B 11.47 8.866e-09 86-136
1719	BL00412	Neuromodulin (GAP-43) proteins.	BL00412D 16.54 5.408e- 09 432-483
1721	BL00038	Myc-type, 'he_ix-loop- helix' dimerization domain proteins.	BL00038B 16.97 8.448e- 12 79-100 BL00038A 13.61 4.000e-11 52-68
1723	PD00567	PROTEIN RNA-BINDING RNA REPEAT HYD.	PD00567C 9.17 8.500e- 09 418-428
1724	BL01279	Protein-L- iscaspartate(D- aspartate) O- methyltransferase signa.	BL01279A 24.27 5.663e- 12 233-281
1728	BL00018	BF-hand calcium-binding domain proteins.	BL00018 7.41 2.059e-11 73-86 BL00018 7.41 4.176e-11 157-170
1730	ВЬ00594	Aromatic amino acids permeases proteins.	3L00594A 16.75 1.089e- 09 17-61

1731   BL01160   Kinesin light chain   BL011608 19.58 9.57%e-repeat proteins.   10.296-350     1732   BL01160   Kinesin light chain   10.296-350     1733   PF00850   Kinesin light chain   BL011608 19.54 9.676e-repeat proteins.   BL0117608 19.55 9.282e-points.   BL0117608 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.576e-repeat proteins.   BL011808 19.589 19.5	SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
1732   BL01160   Kinesin Light chain   BL011603 19, 54 9, 576%= repeat procession.   10 316-370   13.56-370   13	1731	BL01160	Kinesin light chain	
1733   PF00850	1732	BL01160	Kinesin light chain	BL011603 19.54 9.676e-
1734   BL00354   BH0-1 and BMC-y DNA   BL00354C 6.6. S. 932e   binding domain proteins   (Ahook).	1733	PF00850	Histone deacetylase	22 246-279 PF00850D 14.76 6.850e-20 177- 201 PF00850E 8.88 8.691e-18 209-235 PF00850G 22.75 4.098e-
T-CELL	1734	BL00354	binding domain proteins	BL00354C 6.61 5.932e-
Transforming   11   5-27   PRO04497   11   5-27   PRO04497   13   10   79   23   144   161   109   123   PRO04498   13   50   3,289   10   144   167   168		DM00179		
RAS SIGNATURE		PR00449		11 5-27 PR00449D 10.79 2.241e-10 109- 123 PR00449E 13.50 9.289e-10 144-167
1746   BL00720   Guanine-nucleotide dissociation etimulator (dissociation) etimulator (DC25 family sign.)   1746   PR00081   DRIYINGOENASE FAMILY   15 136-160   16 136 15 136-161   1747   1747   BL00439   Acyltransferases   BL00439R 16.24 8.435e-160-162   1749   PR00081   Acyltransferases   BL00439R 16.24 8.435e-160-162   1749   PR00081   CONX/FUX SURREMANLY   14 65-9 RB00439R 16.23 7.135e-10 15-1		PR00449		PR00449A 13.20 1.188e 11 5-27 PR00449D 10.79 2.241e-10 109- 123 PR00449E 13.50 9.289e-10 144-167
1746	1745	BL00720	dissociation stimulators	BL00720B 16.57 8.297e-
Chacktame   COT   CT	1746	PR00081	GLUCOSE/RIBITOL DEHYDROGENASE FAMILY	11 45-57 PR00081E 17.54 3.935e-10 150-
2749	1747	BL00439	ChoActase / COT / CPT	14 65-91 BL00439G
1751   PD00066   PROTEIN ZING-FINGER   PD00066 13.92 3.400a-   MRTAL-BINDT.   14 33-46 PD00066 13.92 1.000c-13 89-102 PD00066 13.92 1.000c-13 89-102 PD00066 13.92 1.000c-13 89-102 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.92 7.000a-   13 61-74 PD00066 13.93 7.000a-   12 63-74	1749	PR00819	CBXX/CFQX SUPERFAMILY	PR00819B 10.83 7.158e-
1754   BL00790   Receptor tyrodine kinase   18 33-77   Receptor tyrodine kinase   18 0.07901 20.01 2.391e-10   20.01 2		PD00066	METAL-BINDI.	14 33-46 PDC0066 13.92 1.000e-13 89-102 PD00066 13.92 7.000e- 13 61-74 PD00056 13.92 6.571e-12 117- 130
1754   BL00790   Receptor tyrocine kinase   BL007901 20.01 2.393e-	1753	BL01013		
ZINC-FINCRE MSTAL-   35 10-49			Receptor tyrosine kinase class V proteins.	BL00790I 20.01 2.393e- 09 490-521 BL00790I 20.01 2.821e-09 60-91 BL00790I 20.01 6.357e- 09 287-318
1762   PD02929   ADMESTON GLYCOPECTETN   PD022929   ADMESTON GLYCOPECTETN   PD022929   26.27 4.529e			ZINC-FINGER METAL- BINDING NU.	
1762   PD02329   ALBESTON GLYOOPEDTEN   PD02329R 28.27 4.529e-   PRECURSOR I.   PD0232R 28.27 4.529e-   PRECURSOR I.   PRECURSOR I.   PRO226R 8.75 5.950e-   PRO127   PRO128				
1765   PRO0328   GTPL/ORG GTP-RINDING   PRO0326A 8.75 5.950e-PROTEIN FAMILY SIGNATURE   11.146-147     1775   PF00023   Ank repeat proteins.   PF00023R 18.03 3.077e-	1762	PD02929		PD02929A 28.27 4.529e-
1776 BL00942 glpT family of BL00942F 15.07 4.343=- transporters proteins. 10 371-389 BL00942B 15.07 4.343=- transporters proteins. 10 371-389 BL00942B 20.36 8.040e-09 94-137 1777 LM00215 PROLINE-RICH PROTEIN 3. JM00215 19.43 2.373e-			PROTEIN FAMILY SIGNATURE	PR00326A 8.75 5.950e- 11 146-167
1776 BL00942 91pT family of BL00942F 15.07 4.343s- transporters proteins. 10 371-389 BL00942F 10 777 DM00215 PROLINE-RICH PROTEIN 3. DM00215 19.43 2.3736-		PF00023	Ank repeat proteins.	PF00023A 16.03 3.077e-
1777 DM00215 PROLINE-RICH PROTEIN 3. DM00215 19.43 2.373c-	1776	BL00942		BL00942F 15.07 4.343e- 10 371-389 BL00942B
	1777	DM00215	PROLINE-RICH PROTEIN 3.	

SEQ ID NO:	ACCESSION NO.	DESCRIPTION	RESULTS*
1778	BL00084	Copper type II, ascorbate-dependent monooxygenases proteins.	BL00084D 25.11 3.700e- 20 169-224 BL00084B 24.26 8.134e-16 10-58 BL00084C 27.71 8.412e- 11 107-159
1779	BL01013	Oxysterol-binding protein family proteins.	BL01013D 26.81 3.758e- 18 611-655 BL01013A 25.14 2.881e-15 344- 380 BL01013C 9.97 6.308e-13 435-445 BL01013B 11.33 3.717e- 12 409-420
1783	BL00741	Guanine-nucleotide dissociation stimulators CDC24 family sign.	BL00741B 14.27 8.138e- 13 492-515
1784	BL00741	Guanine-nucleotide dissociation stimulators CDC24 family sign.	BL00741B 14.27 8.138e- 13 492-515

results include in order: accession number subtype; raw score; p-value; postion of signature in amin acid sequence.
 TRADOC:1416/331(9620901D0)

### PCT/US00/34263

### TABLE 4

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM SCORE
2	ig	Immunoglobulin domain	2.1e-32	109.5
3	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	1.3e-29	110.7
4	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.6e-21	84.9
5	fn3	Fibronectin type III domain	0	1397.1
6	fn3	Fibronectin type III domain	0	1035.0
7	fn3	Fibronectin type III domain	10	1090.4
8	fn3	Fibronectin type III domain	0	1397.1
9	TBC	TBC domain	4e-40	146.7
10	p450	Cytochrome P450	9.5e-17	62.0
12	ank	Ank repeat	6e-20	79.7
14	ig	Immunoglobulin domain	1.7e-05	22.7
15	zf-MYND	MYND finger	1.3e-06	35.4
16	zf-MYND	MYND finger	1.3e-06	35.4
17	zf-C2H2		1.7e-99	343.9
18		Zinc finger, C2H2 type		
	CAP_GLY	CAP-Gly domain	1.2e-25	98.7
20	IMPDH_C	IMP dehydrogenase / GMP	1.6e-119	410.5
		reductase C terminus		
21	INPDH_C	IMP dehydrogenase / GMP reductase C terminus	4.3e-102	352.6
22	pkinase	Bukaryotic protein kinase domain	2.4e-79	277.0
23	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	8.4e-74	258.6
25	RNA_pol_A	RNA polymerase alpha subunit	0	1077.7
26	Clq	Clq domain	1.9e-10	44.4
27	Ribosomal_L2	Ribosomal protein L23	7.8e-32	111.2
28	Ribosomal_L2 3	Ribosomal protein L23	1e-29	104.2
30	zf-A20	A20-like zinc finger	1.5e-10	48.5
31	zf-A20	A20-like zinc finger	1.5e-10	48.5
32	FMN dh	FMN-dependent dehydrogenase	5.4e-179	608.1
34	PID	Phosphotyrosine interaction domain (PTB/PID)	3.8e-59	209.9
35	ic	Immunoglobulin domain	1.4e-13	48.8
36	ic	Immunoglobulin domain	1.4e-13	48.8
40	kinesin	Kinesin motor domain	6.7e-76	265.6
44	Ets	Ets-domain	1.4e-56	182.1
45	Ets	Ets-domain	1.4e-56	182.1
46	LRR	Leucine Rich Repeat	1.4e-56	58.3
48	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.3e-162	552.8
49	ITAM	Immunoreceptor tyrosine-based	1.4e-05	31.9
50	UCH-2	activation mot		1
		Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family	1.1e-26	102.0
51	UCH-2	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family	1.1e-26	102.0
52	ras	Ras family	8.5e-45	162.3
53	PRK	Phosphoribulokinase	2.1e-65	230.7
54	myb_DNA- binding	Myb-like DNA-binding domain	0.096	15.2
55	voltage CLC	Voltage gated chloride channels	3.3e-186	631.9
56	sugar tr	Sugar (and other) transporter	0.00015	-64.3
57	TBC	TBC domain	2.2e-37	137.6
58	ank	Ank repeat	5.9e-25	96.3
59	ank	Ank repeat	5.9e-25	96.3
67	PMP22_Claudi	PMP-22/EMP/MP20/Claudin family	7.9e-49	175.6
68	C2	C2 domair	7.98-54	192.2
69	C2	C2 domain		
70	Kelch	Kelch motif	2.3e-54 9.4e-99	194.0
72	iq			341.5
73		Immunoglobulin domain	8.2e-23	94.7
13	pkinase	Eukaryotic protein kinase	8e-69	242.1

SEQ ID	PPAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
1101		domain		SCORE
74	pkinase	Eukaryotic protein kinase	2.8e-38	140.6
		domain	1	21010
76	zf-	Topoisomerase DNA binding C4	5.4e-54	192.8
83	C4_Topoisom	zinc fing		
84	Peptidase_S9	Prolyl oligopeptidase family Fibronectin type III domain	4.3e-10	36.8
86	SH2	Src homology domain 2	4.1e-51 3.1e-22	183.2
88	ig	Immunoqlobulin domain	0.0091	14.0
89	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.1e-21	84.6
92	laminin G	Laminin G domain	6.1e-27	98.5
93	AMP-binding	AMP-binding enzyme	2.4e-13	-37.2
95	pkinase	Eukaryotic protein kinase	1.4e-59	211.4
		domain		. 1
96	pkinase	Eukaryotic protein kinase	2.6e-51	183.9
97	adh short	domain short chain dehydrogenase		
98	kinesin	Kinesin motor domain	2e-61 2.2e-86	217.5 300.4
101	TRS	PTB domain (IRS-1 type)	5.4e-36	133.0
102	AAA	ATPases associated with various	6.8e-05	-5.2
		cellular act	0100-00	-5.2
104	pkinase	Eukaryotic protein kinase	2.7e-73	256.9
		domain		
106	ras	Ras family	8.3e-24	92.5
107	Cyt reductas	FYVE zinc finger	5.4e-27	100.7
100	Cyt_reductas	FAD/NAD-binding Cytochrome reductase	7.7e-61	215.5
109	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.3e-122	420.0
113	pkinase	Eukaryotic protein kinase	4e-88	306.2
	-	domain	1	1 300.2
116	PH	PH domain	3.1e-11	45.2
117	lipocalin	Lipocalin / cytosolic fatty-	2.4e-14	53.5
118	pkinase	acid binding pr		
118	prinase	Bukaryotic protein kinase domain	4.5e-20	76.3
120	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.4e-14	61.1
121	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.4e-14	61.1
123	IF5 eIF4 eIF	eIF4-qamma/eIF5/eIF2-epsilon	1e-32	122.2
	2			
124	ig	Immunoglobulin domain	6.5e-08	30.6
127	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	3e-16	58.6
128	PP2C ATP1G1 PLM M	Protein phosphatase 2C	2.2e-71	250.6
123	ATR	ATP1G1/PLM/MATS family	3.1e-20	80.6
130	pfkB	pfkB family carbohydrate kinase	4.5e-42	137.1
133	ACBP	Acyl CoA binding protein	4.6e-22	86.7
134	rrm	RNA recognition motif.	1.2e-31	118.5
135	IQ	IQ calmodulin-binding motif	2.6e-08	41.0
136	ATP1G1_PLM_M	ATP1G1/PLM/MAT8 family	9.3e-22	85.7
	AT8			
139	WH2	Wiskott Aldrich syndrome	0.0067	23.1
140	zf-C2H2	homology region 2 Zinc finger, C2H2 type		
141		Zinc ringer, CZHZ type	1.7e-82	287.5
	Pentidage 93			
141	Peptidase_S2	Signal peptidase I	5.7e-10	35.7
143				
143 146	6 arf KRAB	ADP-ribosylation factor family KRAB box	1.2e-39 7.3e-30	35.7 145.2 112.6
143 146 148	6 arf KRAB DUF6	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6	1.2e-39	145.2
143 146	6 arf KRAB	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6 3'5'-cyclic nucleotide	1.2e-39 7.3e-30	145.2 112.6
143 146 148 149	arf KRAB DUF6 PDBase	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase	1.2e-39 7.3e-30 0.096 3.8e-80	145.2 112.6 8.0 231.1
143 146 148 149	arf KRAB DUF6 PDBase	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 84 domain	1.2e-39 7.3e-30 0.096 3.8e-80	145.2 112.6 8.0 231.1
143 146 148 149 151	arf KRAB DUF6 PDEase S4 tRNA-synt_1d	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6 315'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 34 domain tRRA synthetages class I (8)	1.2e-39 7.3e-30 0.096 3.8e-80 1.1e-08 3.8e-103	145.2 112.6 8.0 231.1 42.3
143 146 148 149	arf KRAB DUF6 PDBase	ADP-ribosylation factor family RRAB box Integral membrane protein DUF6 3'5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 34 domain tRRA synthetages class I (E) PAD/NAD-binding cytochrome	1.2e-39 7.3e-30 0.096 3.8e-80	145.2 112.6 8.0 231.1
143 146 148 149 151	6 arf KRAB DUF6 PDEase S4 tRNA-synt_1d Cyt_reductas	ADP-ribosylation factor family KRAB box Integral membrane protein DUF6 315'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 34 domain tRRA synthetages class I (8)	1.2e-39 7.3e-30 0.096 3.8e-80 1.1e-08 3.8e-103	145.2 112.6 8.0 231.1 42.3

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	FFAM
158	Jacalin	Jacalin-like lectin domain	0.09	-24.9
160	Zn_carbOpept	Zinc carboxypeptidase	5e-138	471.9
165	pkinase	Eukaryotic protein kinase	5.1e-67	
	1*	domain	1	236.1
167	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	5.3e-07	27.0
168	Ribosomal_S1 5	Ribosomal protein S15	1.1e-06	29.0
169	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	1e-48	157.0
171	DUF59	Domain of unknown function DUF59	0.07	-17.4
172	pkinase	Bukaryotic protein kinase domain	3.7e-15	58.6
173	globin	Globin	4.6e-18	67.4
174	WN	WW domain	7.3e-06	32.9
175	ras	Ras family	1e-31	118.8
178	ATPIGI_PLM_M AT8	ATPIGI/PLM/MATS family	2.5e-17	71.0
179	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.5e-99	344.2
180	Clq	Clq domain	8.8e-72	251.9
190	Y_phosphatas	Protein-tyrosine phosphatase	4.9e-287	967.0
191	efhand	EF hand	7.5e-16	66.1
193	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	6.5e-82	285.6
194	bromodomain	Bromodomain	5.8e-31	111.4
195	PALP	Pyridoxal-phosphate dependent	2.5e-64	227.1
	1	enzyme		
197	DnaJ	DnaJ domain	1.6e-38	141.4
199	RrnaAD	Ribosomal RNA adenine dimethylases	0.00018	16.9
200	acid_phospha t	Histidine acid phosphatase	2.5e-10	37.2
201	WH2	Wiskott Aldrich syndrome	0.00048	26.9
		homology region 2	i	
204	vATP- synt_AC39	ATP synthase (C/AC39) subunit	1.3e-159	543.7
205	vATP- synt_AC39	ATP synthase (C/AC39) subunit	1.6e-139	476.9
206	ldl_recept_a	Low-density lipoprotein receptor domain	2.4e-25	97.6
209	ank	Ank repeat	1.4e-19	73.4
210	Rhomboid	Rhomboid family	0.0035	1.2
211	C1q	Clq domain	1.6e-70	247.7
212	UQ con	Ubiquitin-conjugating ensyme	7.40-74	258.8
213	UQ con	Ubiquitin-conjugating enzyme	le-53	191.9
215	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	1.8e-43	140.4
216	PNP22_Claudi n	PMP-22/EMP/MP20/Claudin family	4.5e-21	83.4
218	Glycos_trans f_2	Glycosyl transferases	4e-21	83.6
219	ig	Immunoglobulin domain	0.092	10.7
222	WD40	WD domain, G-beta repeat	7.4e-23	89.4
224	TPR	TPR Domain	1.2e-08	12.1
225	DnaJ_CXXCXGX G	DnaJ central domain (4 repeats)	1.5e-38	141.5
226	Dr.aJ_CXXCXGX G	DnaJ central domain (4 repeats)	1.5e-38	141.5
229	HSP70	Hsp70 protein	2.4e-54	194.0
230	GSHPx	Glutathione peroxidases	3.4e-47	170.2
231	tsp 1	Thrombospondin type 1 domain	0.0075	17.1
233	cyclin	Cyclin	4.6e-144	492.0
234	ras	Ras family	4.8e-50	179.7
235	LRR	Leucine Rich Repeat	1.2e-30	115.3
236	LRR	Leucine Rich Repeat	6.7e-29	109.4
237	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR	1.7e-09	45.0
		or GLGF).		1.5.0

	PEAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
SEQ ID	ETHIN MAINE	DESCRIPTION	p-varue	SCORE
244	dCMP cyt dea	Cytidine and deoxycytidylate	2.5e-05	31.1
244	m cyt_dea	deaminase	2.56-05	31.1
245	ig	Immunoglobulin domain	6.7e-08	30.5
248	wnt			
240	wnc	wnt family of developmental signaling protei	9.1e-270	742.6
250				
254	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	1.3e-55	193.6
254	adenylatekin	Adenylate kinase	1.8e-14	55.7
	ase			
255	Cation_efflu	Cation efflux family	2.8e-33	124.0
	x			1
256	SH3	SH3 domain	3.9e-14	60.4
257	Aa_trans	Transmembrane amino acid	2.6e-52	187.2
		transporter protein		1
258	adenylatekin	Adenylate kinase	2.1e-110	380.2
	ase			
259	HIT	HIT family	8.2e-07	25.3
260	Bacterial_PQ	PQQ enzyme repeat	1.6e-15	65.0
	Q			
262	proteasome	Proteasome A-type and B-type	6.5e-64	225.7
267	pkinase	Eukaryotic protein kinase	6.3e-27	101.0
	_	domain		
270	filament	Intermediate filament proteins	3.2e-150	512.5
271	Choline kina	Choline/ethanolamine kinase	2e-67	237.4
	se		1	
277	Ribosomal S7	Ribosomal protein S7p/S5e	3.3e-20	80.6
279	pkinase	Eukaryotic protein kinase	3.3e-77	269.9
	F	domain	1 3.30 17	1 200.0
280	WD40	WD domain, G-beta repeat	7.8e-73	255.4
281	WD40	WD domain, G-beta repeat	7.8e-73	255.4
284	zf-DHHC	DHHC zinc finger domain	4.6e-24	93.4
287	Exonuclease	Exonuclease	1.4e-67	238.0
291	SAM	SAM domain (Sterile alpha	0.034	
291	SAM.	motif)	0.034	11.2
292	SAM			
292	OAF.	SAM domain (Sterile alpha motif)	0.034	11.2
294	zf-C2H2			
294	2f-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.46-29	111.7
295		Zinc finger, C2H2 type Mitochondrial carrier proteins	2.2e-125	430.0
297	mito_carr HMG box	Mitochondrial carrier proteins	4.1e-59	205.5
302		HMG (high mobility group) box	6.7e-29	109.4
302	Glycos_trans	Glycosyl transferase	5e-87	302.5
	f_4		1	
304	tRNA-synt_2	tRNA synthetases class II (D, K	1.1e-84	294.8
		and N)		
305	KRAB	KRAB box	2e-44	161.0
306	rrm	RNA recognition motif.	2.7e-44	160.6
308	7tm_1	7 transmembrane receptor	5.20-39	126.1
		(rhodopsin family)		
309	DNA_polymera	DNA polymerase X family	2.4e-64	227.2
	seX			1
311	F-box	F-box domain.	9.5e-08	39.2
312	ig	Immunoglobulin comain	6.8e-19	65.9
313	Ets	Ets-domain	8.1e-60	192.3
315	Kelch	Kelch motif	1.3e-106	367.6
317	arf	ADP-ribosylation factor family	3.2e-35	130.4
318	sugar tr	Sugar (and other) transporter	0.0003	-73.1
320	pkinase	Eukaryotic protein kinase	8.1e-83	268.6
	pazzado	domain	0.16-03	200.0
322	pkinase	Bukaryotic protein kinase	4.9e-81	282.6
	byTHESE	domain domain	4.96-81	282.6
324	Xlink	Extracellular link domain		224 6
324	ARID		4.5e-143	331.5
326		ARID DNA binding domain	5.1e-37	136.4
	HMG_box	HMG (high mobility group) box	6.7e-29	109.4
	cadherin	Cadherin domain	8.le-81	281.9
328				66.7
328 331	chromo	'chromo' (CHRromatin	4e-18	66.7
331		Organization MOdifier)		
	chromo Peptidase_M2 2		1.2e-136	467.4

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO:				SCORE
335	vwa	von Willebrand factor type A domain	2.3e-07	37.9
339	ras	Ras family	7.8e-07	-59.1
340	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	8.2e-64	225.4
342	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.4e-85	297.0
343	ig	Immunoglobulin domain	0.0005	18.0
346	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	6.5e-65	229.1
347	pkinase	Eukaryotic protein kinase	6.5e-65	229.1
351	EGF	domain EGF-like domain	8.5e-20	79.2
352	ank	Ank repeat	2.5e-101	350.0
354	TBC	TBC domain	5.1e-15	63.3
355	PHD	PHD-finger	3.2e-07	37.4
358	DUF6	Integral membrane protein DUF6	0.033	15.8
359	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	7.4e-20	79.4
361	ank	Ank repeat	6.6e-34	126.1
362	ArfGap	Putative GTP-ase activating	4.7e-53	189.7
		protein for Arf		
363	efhand	EF hand	5.4e-10	46.5
367	LRR	Leucine Rich Repeat	8.8e-44	158.9
368	laminin G	Laminin G domain	1.5e-33	121.7
369	PP2C	Protein phosphatase 2C	5.3e-20	73.9
372	LIM	LIM domain containing proteins	9.90-15	57.1
373	KRAB	KRAB box	4.8e-23	90.0 .
376	ion trans	Ion transport protein	2.9e-09	-4.2
377	Beach	Beige/BEACH domain	4.9e-208	704.5
380	pkinase	Eukaryotic protein kinase	1.6c-94	327.5
381		domain		
382	AMP-binding	AMP-binding enzyme	1.4e-07	-140.3
	HECT	HECT-domain (ubiquitin- transferase).	1.3e-07	-13.5
384	ank	Ank repeat	2.5e-101	350.0
386	ig	Immunoglobulin domain	9.5e-06	23.6
388	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.7e-42	154.6
389	ig	Immunoglobulin domain	2.8e-15	54.3
390	mito carr	Mitochondrial carrier proteins	3.5e-67	233.2
392	TPR	TPR Domain	6.10-17	69.7
393	SH3	SH3 domain	3.5e-09	43.9
394	AAA	ATPases associated with various cellular act	4.1e-21	83.6
396	spectrin	Spectrin repeat	2.1e-67	237.3
397	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	0.0066	237.3
399	fn3		4.1e-102	352.6
400	WD4.0	Fibronectin type III domain	4.1e-102 0.00049	26.8
401	B1_dehydrog	WD domain, G-beta repeat		
402	BI_denyarog	Dehydrogenase El component	3e-119	409.6
402	£n3	Fibronectin type III domain	0	1719.6
	LRR	Leucine Rich Repeat	2.1e-10	48.0
405	cadherin	Cadherin domain	8.1e-81	281.9
406	zf-CXXC	CXXC zinc finger	Se-15	63.4
410	RhoGEF	RhoGEF domain	1.1e-23	92.1
411	F-box	F-box domain.	4.2e-06	33.7
412	SNF2_N	SNF2 and others N-terminal domain	5.8e-16	61.6
415	CPSase_L_cha	Carbamoyl-phosphate synthase	1.5e-172	586.6
	in	(CPSase)		
418	LRR	Leucine Rich Repeat	3.8e-24	93.6
419	DENN	DENN (AEX-3) domain	2e-58	207.5
	RasGEF	RasGEF domain	8.1e-43	155.7
420	ank	Ank repeat	1.4e-153	523.7
421		<del> </del>		78.9
421 424	C-patch	G-patch domain	1e-19	
421 424 425		G-patch domain Bukaryotic protein kinase	1e-19 2.2e-31	117.1
421 424 425	G-patch pkinase	Bukaryotic protein kinase domain	2.2e-31	117.1
421 424	C-patch	Bukaryotic protein kinase		

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM SCORE
	t			
429	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	8.6e-11	39.2
431	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	1e-66	214.0
432	SH3	SH3 domain	3.4e-16	67.2
433	GTP CDC	Cell division protein	2.10-114	393.5
436	Collagen	Collagen triple helix repeat	4.6e-194	658.1
		(20 copies)		
438	Ricin_B_lect in	Similarity to lectin domain of ricin b	0.0085	10.5
441	Alpha_adapti n_C	Alpha adaptin carboxyl-terminal domai	1.2e-256	866.0
442	Alpha_adapti n_C	Alpha adaptin carboxyl-terminal domai	1.8e-235	795.7
443	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR or GLGF).	1.9e-65	230.9
445	LON	ATP-dependent protease La (LON) domain	0.00012	-17.1
445	io	Immunoglobulir domain	0.00011	20.1
451	sushi	Sushi domain (SCR repeat)	1.4e-18	75.2
452	fn3	Fibronectin type III domain	1.4e-18	35.2
454	pyridoxal de	Pyridoxal-dependent		
	c =	decarboxylase conse	8.3e-14	50.3
456	kinesin	Kinesin motor domain	4.9e-217	734.4
457	neur_chan	Neurotransmitter-gated ion- channel	1e-175	597.1
458	Josephin	Josephin	0.0002	18.7
468	bZIP	bZIP transcription factor	1.7e-07	31.8
470	NTP_transfer	Nucleotidyl transferase	6.3e-06	-26.3
471	WD40	WD domain, G-beta repeat	2e-28	107.9
473	LIM	LIM domain containing proteins	0.00021	20.7
477	zf-RanBP	Zn-finger in Ran binding	0.00021	21.0
		protein and others.		
479	WD4 0	WD domain, G-beta repeat	6.5e-18	73.0
480	KRAB	KRAB box	le-31	118.8
481	ArfGap	Putative GTP-ase activating protein for Arf	8.4e-66	232.0
485	SH2	Src homology domain 2	0.011	11.4
486	Clq	Clq domain	4.3e-74	259.6
487	dsrm	Double-stranded RNA binding motif	1.1e-47	171.9
489	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	4.8e-153	521.9
490	Alpha_adapti n C	Alpha adaptin carboxyl-terminal domai	3.4e-222	751.6
492	SKI	Shikimate kinase	1.2e-10	48.8
497	ENV polyprot	ENV polyprotein (coat	2.6e-22	77.6
498	ein	polyprotein)		
	abhydrolase_ 2	Phospholipase/Carboxylesterase	0.041	-48.1
500	rrm	RNA recognition motif.	5.4e-34	126.4
501	WW	WW domain	4.6e-18	73.4
502	ig	Immunoglobulin domain	1.1e-10	39.5
504	abhydrolase	alpha/beta hydrolase fold	0.045	-3.6
505	уwа	von Willebrand factor type A domain	7.1e-62	219.0
508	Na_K_ATPase_	Na+/K+ ATPase C-terminus	2.3e-145	496.3
	Exonuclease	Exonuclease	1.3e-56	201.5
509				27.0
	Glycos trans	Glycosyl transferases group 1	2.9e-06	27.0
509 510 511	Glycos_trans f_1 Glycos_trans	Glycosyl transferases group 1 Glycosyl transferases group 1	2.9e-06 2.9e-06	27.0
510	Glycos_trans f_1 Glycos_trans f_1 Glycos_trans			ĺ
510	Glycos_trans f_1 Glycos_trans f_1	Glycosyl transferases group 1	2.9e-06	27.0

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
515	EGF	EGF-11ke domain	1.9e-18	74.7
516	Surp	Surp module	4.3e-38	
523	iq	Immunoglobulin domain	3.3e-06	140.0
526	UBX			25.0
		UBX domain	1.le-34	128.6
528	adh_zinc	Zinc-binding dehydrogenases	2.7e-34	127.4
530	SAM	SAM domain (Sterile alpha motif)	0.046	10.0
531	adh_short	short chain dehydrogenase	0.0025	-34.1
532	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	2.5e-81	281.7
533	mito carr	Mitochondrial carrier proteins	2e-61	213.5
534	thiolase	Thiolase	3.5e-183	622.0
535	FMO-like	Flavin-binding monooxygenase- like	0	1153.7
536	SCAN	SCAN domain	40-55	196.6
537	tRNA-synt 1	tRNA synthetases class I (I, L,	3.1e-136	466.0
538	tRNA-synt 1	M and V) tRNA synthetases class I (I, L,	3.1e-136	466.0
	-	M and V)		
539	tRNA-synt_1	tRNA synthetases class I (I, L, M and V)	1.9e-117	403.6
540	tRNA-synt_1	tRNA synthetases class I (I, L, N and V)	3.1e-136	456.0
541	vATP-synt_E	ATP synthase (E/31 kDa) subunit	5.9e-85	295.7
543	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.5e-69	242.6
544	DUF101	Protein of unknown function DUF101	8.5e-38	139.0
545	TGFb_propept ide	TGF-beta propeptide	1.1e-67	238.2
547	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.6e-32	120.8
548	RHD	Rel homology domain (RHD).	1.6e-238	686.2
549	MMR HSR1	GTPase of unknown function	5.4e-67	236.0
551	HECT	HECT-domain (ubiquitin- transferase).	4.3e-127	435.6
554	MHC_II_alpha	Class II histocompatibility antigen, alp	3.5e-74	259.8
555	zf-UBR1	Putative zinc finger in N- recognin	3.3e-16	67.3
556	Kelch	Kelch motif	5.5e-29	109.7
561	AMP-binding	AMP-binding enzyme	2.8e-06	-163.7
562	PABP	Poly-adenylate binding protein, unique domai	4.9e-38	139.8
564	Gag p30	Gag P30 core shell protein	1.2e-67	238.2
566	PWWP	PWWP domain	8.1e-16	66.0
567	SCAN	SCAN domain	7.3e-68	238.9
569	pkinase	Eukaryotic protein kihase	7.3e-68 1.5e-84	
	} -	domain		294.3
570	pkinase	Bukaryotic protein kinase domain	1.5e-84	294.3
571	CN_hydrolase	Carbon-nitrogen hydrolase	0.00081	-79.7
572	myosin_head	Myosin head (motor domain)	0	1495.2
573	myosin_head	Myosin head (motor domain)	0	1490.4
575	Surp	Surp module	1.7e-23	91.5
576	Surp	Surp module	1.7e-23	91.5
577	DNA_pol_B	DNA polymerase family B	0	1138.6
578	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR or GLGF).	8.3e-09	42.7
579	LRR	Leucine Rich Repeat	4.9e-21	83.3
580	neur_chan	Neurotransmitter-gated ion-	5.9e-177	601.3
583	sushi			1
584		Sushi domain (SCR repeat)	0	1673.0
	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	7.3e-36	116.3
586	KH-domain	KH domain	2.9e-13	57.5
587	G-patch	G-patch domain	2.3e-14	61.2
	LIM	LIM domain containing proteins	2.3e-35	133.4
589 590 591	bromodomain bromodomain	Bromodomain Bromodomain	6.6e-32 6.6e-32	114.7

SEO ID	PEAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO:	EDMIA DIWIND	DESCRIPTION	p-varue	SCORE
592	hormone rec	Ligand-binding domain of	3.56-22	87.1
334	normone_rec	nuclear hormone	3.56-22	87.1
593	PHD	PHD-finger	3.8e-12	
594	cadherin	Cadherin domain		53.8
596	pkinase		4.2e-99	342.7
596	prinase	Eukaryotic protein kinase	5e-92	319.2
597	WD40	domain		
		WD domain, G-beta repeat	0.00054	26.7
600	PG-GAP	FG-GAP repeat	4.3e-75	262.9
602	G_Adapt_CT	Gamma-adaptin, C-terminus	1.1e-53	191.8
603	pkinase	Eukaryotic protein kinase	2.3e-86	300.4
		domain		
605	Collagen	Collagen triple helix repeat	8e-42	152.4
		(20 copies)		i
606	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	6.3e-67	232.3 .
608	PWWP	PWWP domain	2.6e-28	107.5
609	PWWP	PWWP domain	2.6e-28	107.5
613	CAP GLY	CAP-Gly domain	0.0046	20.1
615	RFX_DNA_bind	RFX DNA-binding domain	5.2e-54	192.9
	ing	man pron mandany domain	3.20 34	132.3
616	kinesin	Kinesin motor domain	1.1e-81	284.8
617	kinesin	Kinesin motor domain	8.40-80	278.5
618	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING	0.0098	13.1
910	ar-cance	finger)	0.0098	13.1
620	MATH	MATH domain		
			7.8e-C5	22.2
621	Y_phosphatas	Protein-tyrosine phosphatase	1.4e-32	121.6
-	e			
622	pkinase	Eukaryotic protein kinase	4.4e-40	146.6
		domain		1
623 .	BNR	BNR repeat	2.1e-11	51.3
624	molybdopteri	Prokaryotic molybdopterin	1.4e-12	42.2
	n	oxidoreductas		
625	TPR	TPR Domain	1.1e-17	72.2
627	cMMP_binding	Cyclic nucleotide-binding	3.7e-58	206.6
		domain	1	
630	adh short	short chain dehydrogenase	5e-17	70.0
631	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.1e-88	307.1
632	rrm	RNA recognition motif.	4e-05	30.5
635	pkinase	Eukaryotic protein kinase	1.6e-104	360.7
	2	domain		300.7
636	Fork_head	Fork head domain	5.9e-27	103.0
637	pkinase	Eukarvotic protein kinase	3.8e-70	246.5
	p.i.a.ii	domain	3.06-70	240.5
642	TPR	TPR Domain	4.8e-08	40.1
643	efhand	EF hand	1.9e-27	104.6
647	SNF2 N	SNF2 and others N-terminal	1.9e-27	351.1
04/	SNEZ_N	domain	1.2e-101	351.1
648	PseudoU synt	RNA pseudouridvlate synthase		
548	h 2	KNA pseudouridylate synthase	1.9e-55	197.6
650	zf-C2H2			
651		Zinc finger, C2H2 type	0.0087	22.7
	ank	Ank repeat	1.3e-17	71.9
652	I_LWEQ	I/LWEQ domain	9.5e-101	341.0
653	neur_chan	Neurotransmitter-gated ion-	4.1e-171	581.8
	1	channel		
654	tsp_1	Thrombospondin type 1 domain	4.1e-47	169.9
659	FH2	Formin Homology 2 Domain	le-107	371.2
661	pou	Pou domain - N-terminal to	5.3e-45	162.9
	1	homeobox domain		
662	C2	C2 domain	6.7e-19	76.2
663	C2	C2 domain	6.7e-19	76.2
664	C2	C2 domain	6.7e-19	76.2
667	GST	Glutathione S-transferases.		
668	LRR		9.3e-34	114.4
670		Leucine Rich Repeat	9.3e-31	115.6
670	spectrin	Spectrin repeat	4e-57	203.2
672	I_LWEQ	I/LWEQ domain	9.5e-101	341.0
672	ABC tran	ABC transporter	5.3e-60	212.8
674	WD40	WD domain, G-beta repeat	4.8e-24	93.3

PCT/US00/34263

### WO 01/53312

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	TPFAM
NO:				SCORE
675	WD4.0	WD domain, G-beta repeat	4.8e-24	93.3
676	LRR	Leucine Rick Repeat	0.0015	25.2
679	zf-CCCH	Zinc finger C-x3-C-x5-C-x3-H	2.6e-29	107.7
	1	type		20111
680	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.2e-05	30.1
681	CH	Calponin homology (CH) domain	2.4e-17	71.1
682	DSPc	Dual specificity phosphatase,	4.3e-43	156.6
		catalytic doma		
683	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING	0.051	10.8
		finger)		1
687	Synapsin	Synapsin	0	1890.8
689	PR55	Protein phosphatase 2A	0	1038.8
		regulatory subunit PR	1	
691	homeobox	Homeobox domain	8.5e-30	112.4
696	Peptidase_M2	metallopeptidase family M24	2.6e-59	210.5
	4		1	
697	RhoGEF	RhoGEF domain	9.5e-35	128.9
698	PHD	PHD-finger	0.008	9.3
701	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.5e-123	422.0
702	Sulfatase	Sulfatase	3e-231	781.6
703	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.7e-20	79.8
707	Acyl_transf	Acyl transferase domain	1.le-22	88.8
708	WD4 0	WD domain, G-beta repeat	4.8e-19	76.7
710	Ran_BP1	RanBP1 domain.	8.4e-06	-7.3
713	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	9.9e-42	134.9
714	PH	PH domain	1.6e-09	39.0
715	DSPc	Dual specificity phosphatase,	1.5e-37	138.2
	1	catalytic doma		
717	Sialyltransf	Sialyltransferase family	7.5e-31	115.9
718	ig	Immunoglobulin domain	1e-29	100.8
719	integrin_B	Integrins, beta chain	0	1125.4
720	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	1.1e-08	32.4
722	Peptidase_C2	Calpain family cysteine	3e-145	495.9
		protease		1
723	ig	Immunoglobulin domain	2.2e-05	22.4
724	F-box	F-box domain.	0.007	23.0
725	Nop	Putative snoRNA binding domain	8.le-58	205.5
726	Nop	Putative snoRNA binding domain	8.1e-58	205.5
727	WD40	WD domain, G-beta repeat	7.5e-26	99.3
730	dsrm	Double-stranded RNA binding	0.027	12.1
	l	motif		i
731	dynamin	Dynamin family	4.2e-16	66.9
733	zf-CCCH	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H	2.8e-10	41.7
		type		1
735	CDP-	CDP-alcohol	4.2e-26	100.1
738	OH_P_transf	phosphatidyltransferase		1
	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	8.6e-57	182.5
739	TSC22	TSC-22/dip/bun family	6.5e-32	119.5
742	ras	Ras family	2.2e-100	346.9
743	PMI_typeI	Phosphomannose isomerase type I	1.2e-243	822.9
747	trypsin	Trypsin	6.4e-88	279.4
748	kazal	Kazal-type serine protease	2.2e-52	187.4
		inhibitor domain		
749	efhand	EF hand	6.3e-05	33.1
751	PHD	PHD-finger	4.9e-16	66.7
752	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	3.2e-21	83.9
753	Hydrolase	haloacid dehalogenase-like	6.le-11	49.8
		hydrolase		
754	Ribosomal_L3	Ribosomal L39 protein	0.00013	26.7
	9			1
755	PH '	PH domain	3.6e-14	55.7
758	SCAN	SCAN domain	1.4e-53	191.5
759	PA	PA domain	0.0065	23.1
760	arf	ADP-ribosylation factor family	2.2e-19	77.8
761	CIDE-N	CIDE-N domain	2.2e-40	147.6

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO:		DECONCE TOUR	p value	SCORE
762	histone	Core histone H2A/H2B/H3/H4	9.9e-53	138.6
763	zf-MYND	MYND finger	4.1e-14	60.3
764	pou	Pou domain - N-terminal to	le-52	188.6
		homeobox domain		
767	VWC	von Willebrand factor type C	2.9e-34	127.3
		domain		1
769	efhand	BF hand	4.8e-11	50.1
770	zf-C4	Zinc finger, C4 type [two ·	2.4e-53	181.6
		domains)	1	
772	ras	Ras family	7e-90	312.0
773	Sulfatase	Sulfatase	le-142	487.5
775	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.1e-12	55.5
776	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.16-12	55.5
777	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.1e-12	55.5
778	rrm	RNA recognition motif.	2.1e-32	121.1
779	G6PD ·	Glucose-6-phosphate	1.5e-76	236.6
		dehydrogenase		
780	spectrin	Spectrin repeat	3.7e-29	110.3
781	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	4.6e-57	198.5
782	SCAN	SCAN domain	1.3e-24	95.2
783	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR	4.1e-07	37.1
		or GLGF).	1	
785	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	6e-06	21.7
786	ras	Ras family	5.3e-39	143.0
787	RNase HII	Ribonuclease HII	2.5e-67	237.1
790	PI3 PI4 kina	Phosphatidylinositol 3- and 4-	5.4e-108	372.2
	se	kinases	1	1
795	cadherin	Cadherin domain	2.5e-40	147.4
796	ARID	ARID DNA binding domain	1.66-20	81.6
797	trypsin	Trypsin	9.9e-20	64.8
799	CH	Calponin homology (CH) domain	3.7e-15	63.8
801	Gal-	Vertebrate galactoside-binding	4.1e-25	88.7
	bind_lectin	lectin		
803	WD40	WD domain, G-beta repeat	0.00082	26.1
806	TBC	TBC domain	1.8e-26	101.4
807	TBC	TBC domain	1.8e-26	101.4
808	CN_hydrolase	Carbon-nitrogen hydrolase	8.8e-80	278.5
811	CBFD NFYB HM	Histone-like transcription	6e-14	59.8
	7 -	factor		
812	adh short	short chain dehydrogenase	8.1e-20	79.3
814	IMP4	Domain of unknown function	3.3e-71	250.0
815	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	8.2e-66	232.1
816	Pept tRNA hy	Peptidyl-tRNA hydrolase	1.6e-37	138.0
	dro		1	1
817	ARID	ARID DNA binding domain	2.5e-18	74.3
817 826		ARID DNA binding domain eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon	2.5e-18 1.6e-32	74.3
	ARID	ARID DNA binding domain eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon		74.3
	ARID IF5_eIF4_eIF	ARID DNA binding domain eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon Putative GTP-ase activating		121.5
826 830	ARID IF5_eIF4_eIF 2	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf	1.6e-32	
826	ARID IF5_eIF4_eIF 2	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon Putative GTP-ase activating	1.6e-32	121.5
826 830	ARID IF5_eIF4_eIF 2 ArfGap	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf	1.6e-32 1.5e-53	121.5 191.3
826 830 831	ARID IFS_eIF4_eIF 2 ArfGap LERR	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf Leucine Rich Repeat	1.6e-32 1.5e-53	121.5
826 830 831	ARID IFS_eIF4_eIF 2 ArfGap LERR	eIF4-gamms/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTF-ase activating protein for Arf Leucine Rich Repeat Laminin MSF-like (Domains III and V)	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57	121.5 191.3 101.1 204.2
826 830 831 832	ARID  IFS_CIF4_CIF  2  ArfGap  LRR  Laminin_EGF	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf Leucine Rich Repeat  Laminin EGF-like (Domains III and V)  ENA recognition motif.	1.6e-32 1.5e-53	121.5 191.3
826 830 831 832	ARID IFS_eIF4_eIF 2 ArfGap LRR Laminin_EGF	eIF4-gamms/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTF-ase activating protein for Arf Leucine Rich Repeat Laminin MSF-like (Domains III and V)	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57	121.5 191.3 101.1 204.2
826 830 831 832	ARID IF5_eIF4_eIF 2 ArfGap  LER Laminin_EGF  rrm Y_phosphatas	off4-gamms/efF5/eff2-epsilon  Putative Off7-ass activating protein for Arf Lewcine Rich Repeat Laminin B6F-live (Domains III and V)  ENN recognition motif.  Protein-tyrosine phosphatase	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8
826 830 831 832 839 840	ARID IF5_eIF4_eIF 2 ArfGap LRR Laminin_EGF Frm Y_phosphatas e	eIF4-gamma/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf Leucine Rich Repeat  Laminin EGF-like (Domains III and V)  ENA recognition motif.	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57	121.5 191.3 101.1 204.2
826 830 831 832 839 840	ARID IF5_eIF4_eIF 2 ArfGap LRR Laminin_EGF Frm Y_phosphatas e	eIF4-gamms/eIF5/eIF2-epsilon  Putative GTP-ase activating protein for Arf  Lewcine Rich Repeat  Laminin BGF-lice (Domains III and V)  FNA recognition motif.  Protein-tyrosine phosphatase  Eukaryotic protein kinase domain	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8
826 830 831 832 839 840	ARID IFS_GIF4_GIF 2 ArfGap  LRR laminin_BGF  LYM Y_phosphatas e pkinase	eIF4-gamms/eIF5-grailon  Putative GFF-ase activating protein for Arf Leweine Rich Repeat Leweine Rich Repeat Leweine Rich Repeat REMAN RECOGNITION OF THE REMANDER FOR THE REMAINS REPORTED FOR THE REMAINS REMAINS RECOGNITION FOR THE REMAINS REMAIN	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100	191.3 101.1 204.2 88.5 409.8 346.3
826 830 831 832 839 840	ARID IFS_GIF4_GIF 2 ArfGap LRR laminin_EGF  rrm Y_phosphatas e pkinase Ribosomal_L2	eIF4-gamms/eIF5/eIF7-epsilon  Putative GTP-ass activating protein for Arf  Lewcine Rich Repeat  Laminin BGF-live (Domains III and V)  ENN recognition motif.  Protein-tyrosine phosphatase  Eukaryotic protein kinase domain  Ribosomal L22e protein family	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 1e-64	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8 346.3
826 830 831 832 839 840 841	ARID IFS_GIF4_GIF 2 ArfGap  LRR laminin_EGF  rrm Y_phosphatas e pkinase  Ribosomal_L2 2e TBR	oIF4-gamms/eIF5-grailon  Putative GTP-ass activating protein for Arf Leveine Rich Repeat Leveine Rich Repeat Laminin RSF-like (Domains III and V) RSW recognition wetif. Protein-tyrooine phosphatase domain Rikosomal L22e protein family IRK domain	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 le-64 9e-15	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8 346.3 228.4
826 830 831 832 839 840 841 844	ARID IFS_GIF4_GIF 2 ArfGep  LRR laminin_BGF  rrm Y phosphatas e pkinase Ribosomal_L2 2e	eIF4-gamms/eIF5/eIF7-epsilon  Putative GTP-ass activating protein for Arf  Lewcine Rich Repeat  Laminin BGF-live (Domains III and V)  ENN recognition motif.  Protein-tyrosine phosphatase  Eukaryotic protein kinase domain  Ribosomal L22e protein family	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 1e-64	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8 346.3
826 830 831 832 839 840 841 844	ARID IFS_GIF4_GIF 2 ArfGap  LRR laminin_EGF  rrm Y_phosphatas e pkinase  Ribosomal_L2 2e TBR	oIF4-gamms/cIF5-grailon  Putative GTP-ase activating protein for Arf Lewcine Rich Repeat Lawinin BGF-like (Domains III and V)  RNA recognition motif.  Protein-tyronine phosphatase domain Mibosomal L22e protein kinase domain IBB domain Zinc finger, CHC4 type (RING finger)	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 1e-64 9e-15 7.4e-07	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409.8 346.3 228.4 62.5 26.5
926 930 931 932 839 840 841 844 846 849	ARTD IF5_eIF4_eIF 2 IF5_eIF4_eIF 2 ArfGep  LRR lawinin_EGF  LYM Y_phosphatas e pkinase Ribosomai_L2 2e IBR zf-C3HC4	eIF4-gamms/eIF5-grailon  Putative OTF-ase activating protein for Arf Laweline Rich Repeat Laweline Rich Repeat and V)  ENN recognition motif.  FNN recognition motif.  FNN recognition motif.  ENN recognition motif.  INCOMENTAL PROTECTION RESERVED FOR THE RESERVE	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 le-64 9e-15	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409:8 346.3 228.4
926 930 931 932 839 840 841 844 846 849	ARTD IF5_eIF4_eIF 2 IF5_eIF4_eIF 2 ArfGep  LRR lawinin_EGF  LYM Y_phosphatas e pkinase Ribosomai_L2 2e IBR zf-C3HC4	oIF4-gamms/cIF5-grailon  Putative GTP-ase activating protein for Arf Lewcine Rich Repeat Lawinin BGF-like (Domains III and V)  RNA recognition motif.  Protein-tyronine phosphatase domain Mibosomal L22e protein kinase domain IBB domain Zinc finger, CHC4 type (RING finger)	1.6e-32 1.5e-53 2.1e-26 2e-57 1.3e-22 2.6e-119 3.4e-100 1e-64 9e-15 7.4e-07	121.5 191.3 101.1 204.2 88.5 409.8 346.3 228.4 62.5 26.5

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO:		rich domain		SCORE
853	SRCR	Scavenger receptor cysteine-	0	
		rich domain		1025.4
857	lactamase_B	Metallo-beta-lactamase superfamily	0.012	-6.0
858	COXEA	Cytochrome c oxidase subunit	3.4e-58	206.7
859	rrm	RNA recognition motif.	5.4e-45	162.9
861	PRK	Phosphoribulokinase	5.1e-62	219.4
863	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	2.9e-53	185.5
864	HSP90	Hsp90 protein	4.7e-158	538.5
866	ig	Immunoglobulin domain	4e-12	44.1
867	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type Core histone H2A/H2B/H3/H4	7e-135	461.5
872	histone	Core histone H2A/H2B/H3/H4	4.9e-41	149.8
874	CPSase_L_cha	Carbamoyl-phosphate synthase (CFSase)	2.1e-218	739.0
879	Ribosomal_S1 2e	Ribosomal protein S12e	2.1e-98	340.3
882	serpin	Serpins (serine protease inhibitors)	2.5e-42	145.7
883	Patatin	Patatin	1.2e-51	182.0
884	RA	Ras association (RalGDS/AF-6)	0.044	8.0
887	DUF92	Integral membrane protein DUF92	2.7e-12	54.3
889	sugar tr	Sugar (and other) transporter	8.2e-63	222.1
893	DUF28	Domain of unknown function DUF28	1.3e-43	158.3
896	IP_trans	Phosphatidylinositol transfer protein	6.5e-98	338.7
898	DEAD	DEAD/DEAH box helicase	1.5e-48	156.5
899	KE2	KE2 family protein	7e-61	215.7
900	KE2	KB2 family protein	4.3e-51	183.2
901	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.7e-57	203.8
902	ras	Ras family	2.3e-75	263.9
904	TPR	TPR Domain	3.2e-22	87.2
906	GBP	Guanylate-binding protein	8.9e-253	853.1
907	GBP	Guanylate-binding protein	1.1e-239	809.6
908	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.6e-26	100.8
909	PH	PH domain	1.3e-09	39.4
910 913	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.5e-39	144.1
913	Epimerase	NAD dependent epimerase/dehydratase family	5e-07	-88.5
921	TBC	TBC domain	1.5e-C9	30.7
922	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.6e-25	93.2
923	WD40	WD domain, G-beta repeat	8.2e-C7	35.1
924	Hydrolase	haloacid dehalogenase-like	2.9e-05	29.1
	1	hydrolase	i	
925	UQ_con	Ubiquitin-conjugating enzyme	0.00033	-27.6
926	CH	Calponin homology (CH) domain WD domain, G-beta repeat	3.3e~53	190.2
928	WD40	WD domain, G-beta repeat	5.9e-48	172.7
929	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	3.1e-10	37.4
930	Ribul_P_3_ep im	Ribulose-phosphate 3 epimerase family	7.2e-105	361.8
931	Ribul_P_3_ep	Ribulose-phosphate 3 epimerase family	1.2e-96	334.4
935	C2	C2 domain	2.2e-62	220.7
937	NAP_family	Nucleosome assembly protein (NAP)	1.1e-22	84.6
940	abhydrolase	alpha/beta hydrolase fold	0.011	3.1
944	Tropomyosin	Tropomyosins	3.2e-07	25.1
948	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	3.4e-75	263.2
949	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.8e-27	104.7
950	Acyltransfer	Acyltransferase	1.6e-07	38.4
	ase			

SEO ID	PEAM NAME	I DECORTORION		
NO:	PPAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
951	SAM			SCORE
		SAM domain (Sterile alpha motif)	0.014	14.5
954	GFO_IDH_MocA	Oxidoreductase family	1.3e-11	52.0
955	BTB	BTB/POZ domain	7e-22	86.1
956	BTB	BTE/POZ domain	7e-22	86.1
957	CDP-	CDP-alcohol	0.053	-22.2
	OH_P_transf	phosphaticyltransferase		1
959	ras	Ras family	2.4e-97	336.8
960	ras	Ras family	8.4e-43	155.6
961	Acetyltransf	Acetyltransferase (GNAT) family	1.2e-08	42.2
962	adh_short	short chain dehydrogenase	2.4e-31	117.6
963	mutT IF-2B	Bacterial mutT protein Initiation factor 2 subunit	5.6e-06	26.2
969		family	8.48-193	653.9
970	RNase_PH	3' exoribonuclease family	9e-24	92.4
975	WW	WW domain	5.7e-25	96.4
977	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR or GLGF).	3.6e-21	83.7
978	Ribosomal_Ll 7	Ribosomal protein L17	2.4e-20	81.0
979	LIM	LIM domain containing proteins	5.8e-42	152.8
980	Calsequestri	Calsequestrin	1.7e-297	1001.7
	n	-		
982	HSP20	Hsp20/alpha crystallin family	1.2e-10	43.2
983	oxidored_q6	NADH ubiquinone oxidoreductase,	4.8e-63	222.9
		20 Kd sub		1
988	TBC	TBC domain	2.2e-50	130.8
989	TBC	TBC domain	2.2e-50	180.8
993	tRNA_int_end	tRNA intron endonuclease	0.0017	-34.2
994	homeobox	Homeobox domain	4e-18	73.6
997	pyr_redox	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreducta	0.012	11.6
1000	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	9.7e-123	421.2
1001	RA	Ras association (RalGDS/AF-6)	1.2e-15	65.4
1004	DUF81	Domain of unknown function DUF81	0.099	10.2
1005	actin	Actin	1.3e-174	574.3
1006	actin	Actin	3.1e-130	428.6
1007	cpn60_TCP1	TCP-1/cpn60 chaperonin family	3.7e-195	661.8
1008	TPR	TPR Domain	8.1e-44	159.0
1009	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	3.6e-61	216.6
1011	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	3.6e-61	216.6
1012	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	4.7e-15	53.1
1016	tRNA-synt 2c	tRNA synthetases class II (A)	2.36-15	55.2
1018	RhoGAP	RhoGAP domain	1.6e-78	279.3
1022	PGAM	Phosphoglycerate mutase family	3.8e-18	69.7
1026	HMG box	HMG (high mobility group) box	8.4e-20	79.2
1027	TEC	TBC domain	7.3e-45	162.5
1028	UC con	Ubiquitin-conjugating enzyme	1.4e-49	178.1
1032	PDZ	PDZ domain (Also known as DHR or GLGF).	0.028	16.3
1034	Hydrolase	haloacid dehalogenase-like hydrolase	2e-21	84.6
1037	KRAB	KRAB box	4.8e-05	32.4
1038	Cation_efflu X	Cation efflux family	7.1e-42	152.5
	ART	NAD:arginine ADP-	4.7e-47	169.1
1040	ART			
		ribosyltransferase	1 90 19	26. 7
1040 1042 1043	WD40	ribosyltransferase WD domain, G-beta repeat	1.9e-18	74.7
1042	WD40 zf-C2H2	ribosyltransferase WD domain, G-beta repeat Zinc finger, C2H2 type	3.7e-24	93.7
1043	WD40	ribosyltransferase WD domain, G-beta repeat		

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
1047	ligase-CoA	CoA-ligases	4.5e-80	279.4
1049	iq iq	Immunoqlobulin domain	1.7e-09	35.6
1050	Ribosomal L2	Ribosomal protein L24e	20-33	124.5
	4e			
1054	Amidase	Amidase	4.3e-152	518.7
1055	rrm	RNA recognition motif.	3.8e-26	100.3
1058	annexin	Annexin	6.9e-44	159.2
1059	PMP22_Claudi n	PMP-22/EMP/MP20/Claudin family	0.023	-23.6
1060	homeobox	Homeobox domain	3.2e-31	117.2
1062	Acyltransfer ase	Acyltransferase	0.00065	10.5
1064	AMP-binding	AMP-binding enzyme	6.6e-100	345.3
1065	LRR	Leucine Rich Repeat	3.3e-14	60.6
1066	GTP1 OBG	GTP1/OBG family	4.8e-41	141.8
1071	iq	Immunoglobulin domain	8.4e-48	159.1
1072	PHD	PHD-finger	6.8e-07	35.3
1074	DENN	DENN (ABX-3) domain	8,3e-33	121.5
1075	SCP	SCP-like extracellular protein	4.7e-41	149.8
1077	OLF	Olfactomedin-like domain		
1077	mito carr		2.28-66	234.0
1079	WD40	Mitochondrial carrier proteins	1e-42	149.3
1079		WD domain, G-beta repeat	6.2e-45	152.7
1087	START	START domain	1.5e-48	174.7
		Dual specificity phosphatase, catalytic doma	3.3e-63	223.4
1094	GSHPx	Glutathione peroxidases	9.6e-41	148.8
1095	DUF25	Domain of unknown function DUF25	2e-75	264.0
1.096	.DUF25	Domain of unknown function DUF25	6e-75	262.4
1105	Nitroreducta se	Nitroreductase family	1.3e-13	58.6
1106	PTE	Phosphotriesterase family	1.3e-179	610.1
1107	DAGKC	Diacylglycerol kinase catalytic domain	0.00049	19.6
1109	ras	Ras family	1.3e-15	40.7
1115	ArfGap	Putative GTP-ase activating protein for Arf	9.7e-47	168.7
1216	HMG14 17	HMG14 and HMG17	4.49-21	83.5
1117	HMG14_17	HMG14 and HMG1.7	9.9e-12	52.4
1119	FAA hydrolas	Fumarylacetoacetate (FAA)	2e-83	290.6
1120	e pkinase	hydrolase fam Eukaryotic protein kinase	1.4e-94	327.5
	1	domain		
1123	abhydrolase	alpha/beta hydrolase fold	9.2e-23	89.0
	pro_isomeras e	Cyclophilin type peptidyl- prolyl cis-tr	2.2e-56	197.1
1131	DnaJ	DnaJ domain	1.6e-30	114.9
1132	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.3e-19	78.6
1133	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.8e-15	64.9
1134	PH	PH domain	0.0015	17.8
1136	Adap_comp_su b	Adaptor complexes medium subunit family	1.2e-256	866.0
1137	Adap_comp_su b	Adaptor complexes medium subunit family	2.5e-209	708.8
1139	ras	Ras family	1.5e-86	301.0
1141	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	9.46-74	258.4
1152	Acyltransfer ase	Acyltransferase	1.2e-05	29.9
1153	IRS	PTB domain (IRS-1.type)	5.4e-55	196.1
1155	ig	Immunoglobulin domain	5.4e-55	
1157	Asparaginase	Asparaginase	1.3e-31 6.4e-72	106.9 252.3
1159	GMC_oxred	GMC oxidoreductases		105.0
	our_ovrea		4.7e-142	485.3
1160	zf-AN1	AN1-like Zinc finger	0.00021	27.9

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
1163	linker histo	linker histone H1 and H5 family	3.8e-14	SCORE 60.4
1103	ne nisto	linker histone HI and HS family	3.8e-14	60.4
1164	DED	Death effector domain	3.9e-05	30.5
1165	IRS	PTB domain (IRS-1 type)	2.6e-43	157.3
1166	IRS	PTB domain (IRS-1 type)	2.6e-43	: 157.3
1168	SAM	SAM domain (Sterile alpha motif)	0.04	10.5
1170	abhydrolase	alpha/beta hydrolase fold	0.098	-7.5
1174	SAP	SAP domain	3.9e-10	47.1
1177	PP2C	Protein phosphatase 2C	5.3e-31	112.5
1178	WD40 Ets	WD domain, G-beta repeat	4.7e-35	129.9
1181	Collagen	Collagen triple helix repeat	1.8e-09 0.00016	33.3
	-	(20 copies)		
1182	TCL1_MTCP1 RasGEF	TCL1/MTCP1 family	9.5e-56	198.6
1185	mito carr	RasGBF domain Mitochondrial carrier proteins	1.7e-88 1.5e-62	307.4
1187	UPAR LY6	u-PAR/Ly-6 domain	0.0042	15.6
1188	Orn_DAP_Arg_	Pyridoxal-dependent	6.2e-128	430.6
	deC	decarboxylase	0.20-128	1-30.0
1193	Stathmin	Stathmin family	1.8e-90	314.0
1194	Stathmin	Stathmin family	1.8e-90	314.0
1195	Sec1	Sec1 family	3.2e-183	622.1
1196	pyr_redox	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreducta	3.1e-32	111.8
1197	G_yco_transf _8	Glycosyl transferase family 8	1.2e-09	45.5
1202	K_tetra	K+ channel tetramerisation domain	0.022	-16.8
1203	adh_short	short chain dehydrogenase	8.3e-45	162.3
1206	Ubie_methylt	ubiE/COQ5 methyltransferase	1.3e-121	417.4
1208	ran 7tm 3	family		
1208	ank	7 transmembrane receptor Ank repeat	7.2e-09 3.9e-15	29.0 63.7
1210	VATP-	ATP synthase (C/AC39) subunit	2.5e-15	439.7
	synt_AC39	.,		439.7
1212	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.5e-17	69.9
1213	efhand	EF hand	3.2e-07	37.4
1219	rrm DUP6	RNA recognition motif.	2.1e-40	147.7
1220	SCAN	Integral membrane protein DUF6	0.015	21.5
1223	G-gamma	GGL domain	1.5e-71 3.6e-36	129.5
1227	catalase	Catalase	3.66-36	1158.9
1232	PX	PX domain	2.2e-15	64.5
1233	PX	PX domain	2.2e-15	64.5
1236	FCH	Pes/CIP4 homology domain	3.3e-09	44.0
1241	Peptidase_M2 0	Peptidase family M20/M25/M40	2e-63	224.1
1243	WW	WW domain	0.044	17.9
1247	UPF0006	Metalloenzyme of unknown function UPF0006	6.3e-61	215.8
1248	Glycos_trans f_2	Glycosyl transferases	4.5e-10	46.9
1249	efhand	BF hand	4e-11	50.4
1254	UQ_con	Ubiquitin-conjugating enzyme	2.1e-73	257.3
1255	ras	Ras family	2.2e-62	220.7
1256	formyl_trans f	Formyl transferase	4.9e-30	108.3
1259	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	5.3e-13	46.4
1261	DiHfolate_re d	Dihydrofolate reductase	2.1e-69	241.7
1262	G_glu_transp ept	Gamma-glutamyltranspeptidase	1.8e-110	380.4
1263	PAS	PAS domain	1.3e-08	36.9
1265	LRR	Leucine Rich Repeat	4.2e-22	86.9

NM
8.0 4.0 7.9 .0 .8 .1 2.0 .7 .6 7.8 .9 5.0 .9 .3 .7 .7 .6 .7 .8 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9 .9
4.0 7.9 .0 .8 .1 2.0 .7 .6 .7 .1 5.2 5.0 .6 .5 .6
7.9 .0 .8 .1 2.0 .7 .6 7.8 .9 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
.0 .9 .1 2.0 .7 .6 7.8 .9 .0 .0 .9 .3 .7 .1 .5 .6
.0 .9 .1 2.0 .7 .6 7.8 .9 .0 .0 .9 .3 .7 .1 .5 .6
.8 .1 2.0 .7 .6 .7 .8 .9 .9 .3 .7 .1 .5 .2 .5 .6
.8 .1 2.0 .7 .6 .7 .8 .9 .9 .3 .7 .1 .5 .2 .5 .6
.1 2.0 .7 .6 7.8 .9 5.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
.1 2.0 .7 .6 7.8 .9 5.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
2.0 .7 .6 .7 .8 .9 0.0 .9 .3 .7 .1 .5 .2 .6 .5
. 7 . 6 . 9 . 0 . 0 . 9 . 3 . 7 . 1 . 5 . 2 . 6 5
7.8 .9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0
7.8 .9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0
7.8 .9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0
.9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
.9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
.9 0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
0.0 9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
9.3 .7 .1 5.2 5.0 .6
.7 .1 5.2 5.0 .6
.1 5.2 5.0 .6
.1 5.2 5.0 .6
5.2 5.0 .6 .5
5.2 5.0 .6 .5
5.0 .6 .5
. 6 . 5
. 6
. 6
7.9
2.0
2.8
/.5
. 4
. 6
7.7
. 6
. 0
1.6
0.3
1.3
1.0
3.6
.5
.1
3
5
2.5
5
8
8
7.2
7.2
7.2
7.2 .5 8
7.2 .5 8
7.2 .5 8
7.2 .5 8
7.2 8 8 8.7
7.2 .5 8
7.2 8.5 8.8.7 .6
77.2 8.5 8.18.7 6.6
77.2 6.5 8 18.7 6.6 9
77.2 6.5 8 8 8.7 6.6 9
77.2 6.5 8 18.7 6.6 9

SEQ ID	PRAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
1362	818	SIS domain	2 0 00	
1363	SIS	SIS domain	3.8e-30	113.6
1364			1.3e-28	108.5
1368	ig	Immunoglobulin domain	0.00026	19.0
	K_tetra	K+ channel tetramerisation domain	1.1e-16	68.9
1371	Collagen	Collagen triple helix repeat (20 copies)	2.2e-113	390,1
1372	DnaJ	DnaJ domain	6.6e-36	132.7
1376	KRAB	KRAB box	2.1e-38	141.0
1378	ELM2	ELM2 domain	2e-23	91.3
1380	thiored	Thioredoxin	1.2e-23	82.8
1381	ank	Ank repeat	2.3e-83	290.4
1382	BTB	BTB/POZ domain	3e-11	50.8
1383	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.6e-19	78.3
1384	WD40	WD domain, G-beta repeat	6.3e-24	92.9
1387	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	1.1e-09	35.6
1389	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	5.5e-50	179.5
1390	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	2.5e-85	296.9
1393	kinesin	Kinesin motor domain	7.89-188	637.4
1394	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.2e-49	178.4
1398	KRAB	KRAB box	5.1e-22	86.6
1402	bZIP	bZIP transcription factor	0.035	13.1
1405	sugar tr	Sugar (and other) transporter	0.003	-101.5
1406	RhoGAP	RhoGAP domain	8.9e-47	168.8
1407	rrm	RNA recognition motif.	le-35	132.1
1408	LRR	Leucine Rich Repeat	2.1e-13	58.0
1409	Nebulin_repe at	Nebulin repeat	6e-54	192.6
1410	ank	Ank repeat	1.68-17	71.6 -
1412	Ribosomal_L5	ribosomal LSP family C-terminus	8.2e-58	205.5
1415	trypsin	Trypsin	4.7e-85	270.4
1416	aminotran 1	Aminotransferases class-I	4.4e-C5	-91.2
1417	S1	S1 RNA binding domain	1.6m-C7	33.1
1419	WD40	WD domain, G-beta repeat	2.2e-09	44.6
1422	cadherin	Cadherin domain	8.3e-42	152.3
1424	SH3	SH3 domain	2.5e-80	280.3
1425	PHD	PHD-finger	3.2e-17	70.6
1426	PHD	PHD-finger	3.2e-17	70.6
1427	ArfGap	Putative GTP-ase activating	1e-37	138.8
1428	helicase C	protein for Arf Helicases conserved C-terminal		
	_	domain	1e-26	102.2
1429	WD40	WD domain, G-beta repeat	3.9e-07	37.2
1430	inositol_P	Inositol monophosphatase family	2.5e-10	40.2
1433	mito_carr	Mitochondrial carrier proteins	4.3e-83	287.7
1434	Clq	Clq domain	2.9e-16	66.2
	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.6e-13	58.3
1435	Inos-1- P_synth	Myo-inositol-1-phosphate synthase	7e-228	770.4
1436	rrm	RNA recognition motif.	1.4e-34	128.3
1438	ig	Immunoglobulin domain	1.3e-12	45.6
1440	G_Adapt_CT	Gamma-adaptin, C-terminus	3.4e-67	236.7
1441	G_Adapt_CT	Gamma-adaptin, C-terminus	3.4e-67	236.7
1443	Kelch	Kelch motif	0.00013	28.7
1446	ARID	ARID DNA binding domain	1.8e-21	84.7
1447	zi-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	9.4e-28	105.6
1448	AMP-binding	AMP-binding anzyme	2.6e-07	-145.1
1451	rrm	RNA recognition motif.	6.5e-21	82.9
1454	ig	Immunoglobulin domain	5.6e-44	146.7
1455	Sialyltransf	Sialyltransferase family	5.4e-21	83.2
1460	Aldose_epim	Aldose 1-epimerase	1.9e-35	131.2
		C2 domain	4e-18	73.6
1461	C2			
1461 1470 1472	TIG	IPT/TIG domain	3.1e-19	77.3

SEQ ID	PFAM NAME	DESCRIPTION		
NO:	PPAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO.	h 2			SCORE
1474	DENN	DENN (AEX-3) domain		
1475	Cation efflu	Cation efflux family	1.3e-44	161.6
	×	•	4.6e-49	176.4
1477	TBC	TBC domain	8e-47	169.0
1478	rrm	RNA recognition motif.	2e-21	84.6
1480	ig	Immunoglobulin domain	5.5e-06	24.3
1484	Telo_bind_al	Telomere-binding protein alpha	0.028	-225.9
	pha	subuni	Í	1
1485	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.8e-68	240.9
1486	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	9.5e-13	49.9
1488	helicase_C	Helicases conserved C-terminal domain	1.4e-15	65.2
1489	DUF89	Protein of unknown function DUF89	0.079	-132.4
1490	BCH	Enoyl-CoA hydratase/isomerase family	5.2e-41	149.7
1491	guanylate_cy c	Adenylate and Guanylate cyclase catalyt	5.9e-46	156.1
1492	LRR	Leucine Rich Repeat	3.4e-19	77.2
1495	zf-C3HC4	Zinc finger, C3HC4 type (RING finger)	7.1e-10	35.3
1497	pkinase	Bukaryotic protein kinase domain	1e-22	85.8
1500	SH3	SH3 domain	9.3e-05	27.2
1502	homeobox	Homeobox domain	0.084	13.8
1503	homeobox	Homeobox domain	0.084	13.8
1505	EGF	EGF-like domain	2.7e-23	90.8
1506	UCH-2	Ubiquitin carboxyl-terminal	2.7e-21	84.2
1508	Peptidase M2	hydrolase family Peptidase family M20/M25/M40	2.8e-28	101.8
1511	0 PX	PX domain		
1512	Sulfatase	FA domain Sulfatase	1.9e-11	51.5
1516	Syntaxin	Syntaxin	2.8e-35 0.011	130.7
1518	aminotran 3	Aminotransferases class-III	9.7e-106	-62.3 305.6
	_	pyridoxal-pho		
1520	ig	Immunoglobulin domain	0.075	11.0
1521	RA	Ras association (RalGDS/AF-6) domain	0.013	13.3
1523	RhoGAP	RhoGAP domain	2.5e-05	18.7
1528	WD40	WD domain, G-beta repeat	5.4e-24	93.1
1535	IMS	impB/mucB/samB family	7.8e-95	328.5
1538	FYVE	FYVE zinc finger	3.2e-27	101.5
1539	DAGKe	Diacylglycerol kinase catalytic domain	6e-07	36.5
1540	Ocular_alb	Ocular albinism type 1 protein	0	1184.7
1653	SAP	SAP domain	6e-06	33.2
1654	Amino_oxidas	Flavin containing amine oxidase	3.2e-43	157.0
1655	Amino_oxidas e	Flavin containing amine oxidase	3.2e-43	157.0
1656	RhoGEF	RhoGEF domain	1.4e-24	95.1
1657	MMR_HSR1	GTPase of unknown function	0.0011	-45.5
1659	UCH-2	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase family	2.5e-11	51.1
1660	actin	Actin	6.6e-21	69.9
1661	BAH	BAH domain	1.7e-82	267.5
1662	vwa	von Willebrand factor type A domain	0	1909.4
1663	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.4e-67	237.9
1667	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	1.4e-67 1.3e-93	324.4
1669	Nol1_Nop2_Su	NOL1/NOP2/sun family	1.3e-23	84.3
1671	SH2	Src homology domain 2	5.4e-15	46.9
2012	1 5111	ore nomorody domain 2	0.48-15	46.9

SEO ID	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM
NO:			1	SCORE
1672	chromo	'chromo' (CHRromatin Organization MOdifier)	2.1e-18	67.7
1674	zf-CCCH	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H	0.0025	17.6
		type	0.0025	17.6
1676	Glyco_hydro_ 47	Glycosyl hydrolase family 47	1.8e-187	636.2
1677	Glyco_hydro_ 47	Glycosyl hydrolase family 47	4.5e-74	259.5
1680	ND40	WD domain, G-beta repeat	1.1e-27	105.5
1681	WD40	WD domain, G-beta repeat	1.le-27	105.5
1683	MMR_HSR1	GTPase of unknown function	1.8e-78	274.1
1691	rra	RNA recognition motif.	1.8e-37	137.9
1692	rrm	RNA recognition motif.	1.8e-37	137.9
1693	AAA	ATPases associated with various cellular act	1.3e-81	284.5
1697	Ferric_reduc	Ferric reductase like transmembrane com	8.4e-82	285.2
1698	Ferric_reduc	Ferric reductase like transmembrane com	3.5e-53	190.1
1699	zf-C2H2	Zinc finger, C2H2 type	4.4e-34	126.6
1700	art	ADP-ribosylation factor family	9e-19	75.8
1702	GTP EFTU	Elongation factor Tu family	0.014	11.4
1703	SCAN	SCAN domain	1.8e-54	194.4
1707	pkinase	Eukaryotic protein kinase domain	1.2e-88	307.9
1709	WD40	WD domain, G-beta repeat	0.0035	24.0
1710	LRR	Leucine Rich Repeat	1.2e-30	115.3
1711	WW	WW domain	7.6e-12	52.8
1712	enk	Ank repeat	4.2e-34	126.7
1713	zf-CCCH	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type	2.6e-09	38.3
1714	zf-CCCH	Zinc finger C-x8-C-x5-C-x3-H type	2.6e-09	38.3
1715	ras	Ras family	4.4e-41	149.9
1718	HMG box	HMG (high mobility group) box	8.3e-21	82.6
1719	TBC	TBC demain	1.1e-45	165.2
1721	ELH	Helix-loop-helix DNA-binding domain	9.2e-10	45.9
1723	dsrm	Double-stranded RNA binding motif	2.9e-05	30.9
1724	RinaAD	Ribosomal RNA adenine dimethylases	0.045	9.2
1725	CIDE-N	CIDE-N domain	5.9e-40	146.2
1726	HAT	HAT (Half-A-TPR) repeats	2.9e-44	160.5
1728	efhand	EF hand	5.1e-20	79.9
1733	Hist_deacety	Histone deacetylase family	1.7e-104	360.6
1735	LRR	Leucine Rich Repeat	4.6e-34	126.6
1739	PI-PLC-X	Phosphatidylinositol-specific phospholipase	0.0023	16.1
				1
1743	ras	Ras family		-21.3
1744	ras	Ras family Ras family	3.7e-10 3.7e-10	-21.3
1744 1745		Ras family RasGEF domain	3.7e-10 3.7e-10 3.2e-49	-21.3 -21.3 176.9
1744 1745 1746	ras RasGEF adh short	Ras family RasGEF domain	3.7e-10 3.2e-49	-21.3
1744 1745 1746 1751	ras RasGEF adh_short zf-C2H2	Ras family RasGEF domain short chain dehydrogenase Zinc finger, CZHZ type	3.7e-10	-21.3 176.9
1744 1745 1746 1751	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3	Ras family RasGBF domain short chain dehydrogenase Zinc finger, CZHZ type Fibronectin type III domain	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08	-21.3 176.9 34.6
1744 1745 1746 1751 1754 1756	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2	Ras family RasGEF domain Short thain dehydrogenase Zinc finger, CZH2 type Fibronectin type III domain Zinc finger, CZE2 type	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2	Res family ResGEF domain short chain dehydrogenase Zinc finger, CZHZ type Fibronectin type III domain Zinc finger, CZHZ type RNA recognition motif.	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2 rrm Nop	Ras family RasGEF domain short chain dehydrogenase Zinc finger, CZEZ type Fibronectin type III domain Zinc finger, CZEZ type RNA recognition motif. Putative snowNA binding domain	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.8
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760 1761	ras RasGEF adh_short  xf-C2H2 fn3 xf-C2H2 rrm Nop Nop	Res family Resder domain short chain dehydrogenese Zinc finger, CZH2 type Pibronectin type 111 domain Zinc finger, CZH2 type RNA recognition motif. Putative snoRNA binding domain Putative snoRNA binding domain	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95 6.1e-95	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.8 328.8
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760 1761	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2 rrm Nop Nop Nop	Res family ResGEF domain short chain dehydrogenese Zinc finger, CHE type Fibronectin type III domain Zinc finger, CHE type RWA recognition motif. Putative snoRWA binding domain Futative snoRWA binding domain GYBASO GYBASO	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95 6.1e-95 6.4e-41	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.8 328.8 149.4
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760 1761 1761 1765 1769	ras RasGEF RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2 trm Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop	Res family ResdEF domain enort chain dehydrogensse Eino finger, CBE type Fibronsetin type III domain Zinc finger, CBE type Fibronsetin	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95 6.4e-41 3e-06	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.8 328.8 328.8 149.4 -43.9
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760 1761 1765 1765 1769 1775	ras RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2 Erm Nop MMR HSR1 CN hydrolase ank	Ras family RasGEF domain short chain dehydrogenase linof their CHE type Fibronectin type III domain linof type III domain linof type III domain linof type RNA recognition motif. Putative snoRNA binding domain Futative snoRNA binding domain of Theas of unknown function Catbon-mitrogen hydrolase Amk repeat	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95 6.1e-95 6.4e-41 3e-06 4.1e-07	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.6 328.8 149.4 -43.9 37.1
1744 1745 1746 1751 1754 1756 1758 1760 1761 1761 1765 1769	ras RasGEF RasGEF adh_short zf-C2H2 fn3 zf-C2H2 trm Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop Nop	Res family ResdEF domain enort chain dehydrogensse Eino finger, CBE type Fibronsetin type III domain Zinc finger, CBE type Fibronsetin	3.7e-10 3.2e-49 7.1e-08 9e-39 5.5e-101 6.3e-93 0.017 6.1e-95 6.4e-41 3e-06	-21.3 176.9 34.6 142.2 348.9 322.1 21.2 328.8 328.8 149.4 -43.9

### PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	PFAM NAME	DESCRIPTION	p-value	PFAM SCORE
1785	rzm	RNA recognition motif.	6.4e-14	59.7

TRADOCS:1416227.1(%CRN01!.DOC)

#### TABLE 5

SEQ ID NO:	POSITION OF	Maxs (MAXIMUM	MeanS (MEAN
	SIGNAL IN AMINO	SCORE)	SCORE)
	ACID SEQUENCE	1	1
1	1-21	0.991	0.955
2	1-31	0.995	0.944
3	1-33	0.949	0.736
4	1-19	0.970	0.951
5	1-26	0.971	0.863
6	1-26	0.971	0.863
7	1-26	0.971	0.863
8	1-26	0.971	0.863
9	1-46	0.982	
			0.901
10	1-21	0.991	0.955
11	1-23	0.989	0.899
12	1-25	0.955	0.803
13	1-18	0.932	0.625
14	1-18	0.938	0.876
15	1-25	0.941	0.811
16	1-17	0.972	0.939
17	1-27	0.964	0.777
18	1-16	0.914	0.657
19	1-19	0.953	0.840
20	1-20	0.935	0.701
21			
	1-22	0.974	0.850
22	1-33	0.961	0.895
23	1-19	0.991	0.959
24	1-31	0.995	0.944
25	1-22	0.976	0.935
26	1-27	0.996	0.928
27	1-24	0.953	0.739
28	1-21	0.906	0.688
29	1-31	0.986	0.841
30	1-28	0.980	0.893
31	1-19	0.993	0.976
32	1-22	0.998	0.909
35		0.949	0.736
36	1-33		
	1-33	0.949	0.736
46	1-19	0.970	0.951
67	1-25	0.968	0.848
71	1-18	0.949	0.845
72	1-30	0.991	0.919
75	1-29	0.958	0.854
38	1-20	0.986	0.945
94	1-33	0.994	0.943
97	1-46	0.964	0.595
103	1-49	0.983	0.570
108	1-26	0.978	0.885
111	1-23	0.989	0.899
126	1-25	0.955	0.803
129	1-19	0.963	0.918
138	1-29	0.971	0.844
143	1-18	0.914	0.628
148	1-20	0.969	0.904
1.56	1-25	0.941	0.811
158	1-22	0.979	0.927
160	1-17	0.972	0.939
161	1-48	0.903	0.571
162	1-25	0.937	0.729
168	1-16	0.939	0.826
171	1-27	0.964	0.777
178	1-21		
190		0.945	0.825
	1-27	0.981	0.941
187	1-28	0.982	0.936
190	1-19	0.953	0.840
196	1-22	0.975	0.916
197	1-22	0.963	0.936

SEQ ID NO:	I POSITION OF	MaxS (MAXIMUM	MeanS (MEAN
024 22 1101	SIGNAL IN AMINO	SCORE)	SCORE)
	ACID SEQUENCE	,	
199	1-20	0.935	0.701
200	1-23	0.977	0.773
206	1-30	0.984	0.890
207	1-19	0.990	0.924
208	1-22	0.974	0.850
210	1-40	0.940	0.670
211	1-28	0.971	0.849
216	1-24	0.986	0.956
218	1-33	0.961	0.895
219	1-19	0.970	0.871
221	1-19	0.904	0.553
222	1-21	0.927	0.555
230	1-19	0.991	0.959
231	1-26	0.953	0.800
232	1-25	0.988	0.826
240	1-23	0.969	0.828
241	1-17	0.982	0.955
245	1-17	0.982	0.955
248	1-30	0.976	0.722
249	1-23	0.968	0.935
252	1-18	0.971	0.940
261	1-24	0.883	0.587
265	1-18	0.939	0.868
272	1-24	0.953	0.739
283	1-21	0.906	0.688
284	1-29	0.997	0.854
290	1-31	0.986	0.841
302	1-28	0.980	0.893
304	1-16	0.907	0.635
312	1-19	0.993	0.976
313	1-17	0.930	0.753
323	1-22	0.998	0.909
324	1-17	0.982	0.954
328	1-19	0.971	0.865
329	1-22	0.963	0.924
330	1-33	0.978	0.841
331	1-24	0.920	0.712
332	1-24	0.975	0.881
333	1-19	0.984	0.941
334	1-20	0.899	0.567
335	1-27	0.942	0.813
336	1-20	0.952	0.850
337	1-38	0.942	0.653
338	1-27	0.973	0.772
339	1-36	0.979	0.804
340	1-27	0.888	0.597
343	1-19	0.971	0.865
344	1-22	0.994	0.928
346	1-17	0.966	0.687
346	1-19	0.936	0.822
349	1-22	0.963	0.924
351	1-24		0.966
352		0.918	0.815
354	1-31	0.988	0.912
355	1-31		0.839
356	1-29	0.932	0.632
357	1-15	0.994	0.969
360	1-27	0.935	0.726
361	1-25	0.954	0.674
362	1-25	0.954	0.674
363	1-22	0.881	0.788
364	1-33	0.978	0.715
365	1-33	0.978	0.841
	1-22	1 413.0	V.07A

SEQ ID NO:	POSITION OF SIGNAL IN AMINO ACID SEQUENCE	MaxS (MAXIMUM SCORE)	MeanS (MEAN SCORE)
366	1-21	0.916	0.820
367	1-19	0.936	0.822
368	1-29	0.972	0.874
370	1-24	0.920	0.712
371	1-24	0.961	0.773
372	1-27	0.919	0.768
373	1-19	0.986	0.945
375	1-32	0.994	0.932
376	1-34	0.987	0.810
377	1-17	0.995	0.950
378		0.971	0.749
380	1-20	0.968	0.874
381	1-20	0.928	0.782
382	1-19	0.986	0.934
384	1-28	0.965	0.829
	1-39	0.970	0.551
386	1-24	0.975	0.881
388	1-30	0.989	0.868
	1-19	0.984	0.941
390 392	1-26	0.971	0.782
392	1-20	0.981	0.900
		0.968	0.890
394 397	1-23	0.937	0.701
	1-22	0.985	0.854
399	1-46	0.977	0.698
401	1-20	0.899	0.567
402	1-22	0.967	0.931
	1-27	0.992	0.934
404	1-19	0.991	0.973
405	1-23	0.994	0.921
407	1-35	0.987	0.658
408	1-39	0.976	0.551
409	1-33	0.897	0.570
410	1-25	0.990	0.962
411	1-38	0.977	0.827
	1-20	0.944	0.768
413	1-20	0.988	0.965
414	1-46	0.993	0.638
415	1-23	0.981	0.940
	1-29	0.941	0.672
418	1-20	0.952	0.850
	1-19	0.986	0.967
420	1-29	0.965	0.861
421	1-22	0.889	0.785
422	1-48	0.982	0.862
428	1-19	0.979	0.933
430	1-38	0.942	0.653
430	1-18	0.947	0.595
432		0.957	0.789
	1-26	0.979	0.904
434	1-27	0.962	0.777
435	1-24	0.998	0.977
436	1-27	0.973	0.772
443	1-15	0.966	0.940
	1-36	0.979	0.804
453	1-41	0.958	0.609
455	1-33	0.943	0.606
457	1-27	0.888	0.597
462	1-16	0.925	0.681
486	1-27	0.972	0.845
495	1-24	0.917	0.636
498	1-26	0.993	0.890
505	1-20	0.976	0.926
507	1-17	0.966	0.687
510	1-23	0.930	0.593

SEQ ID NO:	POSITION OF	Maxs (MAXIMUM	MeanS (MEAN
122 12 111	SIGNAL IN AMINO	SCORE)	SCORE)
	ACID SEQUENCE	DCOMB,	DCOILLY,
511	1-23	0.930	0.593
512	1-23	0.930	0.593
\$15	1-18	0.978	0.956
523	1-19	0.936	0.822
529			
	1-22	0.963	0.924
545	1-24	0.982	0.966
350	1-30	0.933	0.713
552	1-21	0.973	0.912
554	1-23	0.969	0.784
571	1-21	0.918	0.815
574	1-31	0.988	0.912
580	1-39	0.925	0.556
594	1-31	0.974	0.839
608	1-29		
		0.932	0.632
609	1-29	0.932	0.632
610	1-21	0.990	0.948
621	1-15	0.994	0.969
623	1-33	0.935	0.726
653	1-27	0.938	0.827
668	1-22	0.929	0.788
677	1-16	0.948	0.807
685	1-21	0.881	0.715
699			
702	1-22	0.975	0.816
	1-31	0.968	0.898
707	1-16	0.880	0.562
71.3	1-25	0.966	0.743
718	1-19	0.936	0.822
719	1-20	0.961	0.824
729	1-29	0.972	0.874
735	1-46	0.903	0.598
746	1-14	0.916	0.730
747	1-22	0.965	0.876
748			
	1-29	0.968	0.785
759	1-24	0.961	0.773
767	1-27	0.919	0.768
768	1-33	0.900	0.585
773	1-42	0.959	0.702
779	1-19	0.986	0.945
797	1-19	0.944	0.759
798	1-19	0.900	0.568
820	1-17	0.995	0.950
827	1-49	0.971	0.749
845	1-20	0.968	
			0.874
864	1-20	0.928	0.782
866	1-19	0.986	0.934
873	1-23	0.948	0.886
881	1-28	0.965	0.829
887	1-39	0.970	0.551
927	1-30	0.989	0.868
934	1-48	0.988	0.777
939	1-39	0.994	0.889
944	1-26	0.971	0.782
950			
963	1-29	0.957	0.845
		0.981	0.900
964	1-20	0.886	0.558
973	1-16	0.968	0.890
980	1-34	0.961	0.749
981	1-20	0.953	0.822
984	1-12	0.938	0.780
1015	1-22	0.985	0.854
1040	1-46	0.985	0.698
1052			
1052	1-18	0.969	0.842
	1-20	0.927	0.867
1065	1-33	0.983	0.918
1069	1-22	0.993	0.935

SEQ ID NO:	POSITION OF	Maxs (MAXIMUM	MeanS (MEAN
	SIGNAL IN AMINO	SCORE)	SCORE)
1075	ACID SEQUENCE		
1075	1-27	0.992	0.934
1092	1-19	0.931	0.829
1094	1-46	0.991	0.973
1095	1-30	0.974	0.653
1105	1-23	0.994	0.929
1123	1-35	0.994	0.921
1138	1-32	0.954	0.658
1140	1-38	0.954	
1142	1-33	0.897	0.789
1152	1-25	0.990	0.962
1170	1-38	0.977	0.962
1176	1-20	0.944	0.768
1187	1-20	0.988	0.766
1189	1-35	0.967	0.839
1192	1-46	0.993	0.638
1193	1-16	0.925	0.638
1197	1-29	0.985	0.853
1208	1-23	0.981	0.940
1225	1-29	0.941	0.672
1245	1-19	0.986	0.967
1258	1-29	0.965	0.861
1265	1-22	0.869	0.785
1266	1-20	0.944	0.809
1276	1-48	0.982	0.862
1292	1-19	0.979	0.933
1296	1-21	0.984	0.944
1297	1-19	0.984	0.953
1332	1-38	0.942	0.653
1358	1-18	0.947	0.595
1371	1-33	0.957	0.789
1380	1-26	0.979	0.904
1397	1-27	0.962	0.777
1399	1-23	0.997	0.960
1404	1-24	0.998	0.977
1410	1-15	0.946	0.845
1414	1-24	0.913	0.588
1415	1-19	0.982	0.929
1416	1-12	0.931	0.891
1418	1-30	0.933	0.563
1420	1-20	0.381	0.561
1421	1-19	0.990	0.968
1423	1-17	0.968	0.863
1424	1-21	0.885	0.591
1425	1-24	0.913	0.588
1426	1-24	0.913	0.588
1428	1-25	0.967	0.899
1430	1-34	0.977	0.819
1431	1-28	0.979	0.923
1432	1-36	0.957	0.613
1433	1-32	0.921	0.753
1434	1-39	0.983	0.621
1435	1-25	0.910	0.631
1436	1-42	0.988	0.868
1437	1-22	0.998	0.980
1442	1-20	0.918	0.753
1448	1-12	0.931	0.891
1462	1-18	0.968	0.888
1490	1-20	0.881	0.561
1518	1-17	0.968	0.863
1525	1-21	0.885	0.591
1547	1-28	0.974	0.891
1561	1-25	0.967	0.899
1580	1-17	0.923	0.824
1593	1-28	0.979	0.923

### PCT/US00/34263

SEQ ID NO:	POSITION OF SIGNAL IN AMINO ACID SEQUENCE	MaxS (MAXIMUM SCORE)	MeanS (MEAN SCORE)
1596	1-16	0.929	0.709
1601	1-36	0.957	0.613
1606	1-22	0.979	0.831
1607	1-20	0.974	0.770
1608	1-32	0.921	0.753
1614	1-33	0.969	0.829
1616	1-20	0.959	0.869
1625	1-39	0.983	0.621
1632	1-25	0.910	0.631
1636	1-33	0.897	0.591
1639	1-42	0.988	0.868
1645	1-20	0.927	0.568
1647	1-17	0.923	0.742
1648	1-22	0.998	0.980

TRADOCS:1416234.1(%CR%01!.DOC)

TABLE 6

TABLE					
SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID		SEQ ID
of full-	No: of	of contig	NO:	docket number	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488.725
sequence	peptide		sequence	priority	05,100,125
Dognonoo	sequence		ooquonoc	application	
1	1787	3573	5359	784CIP2_1	1103
2	1788	3574	5360	784CIP2_2	2673
3	1789	3575	5361	784CIP2 3	4117
4	1790	3576	5362	784CIP2 4	5556
5	1791	3577	5363	784CIP2 5	5562
6	1792				
		3578	5364	784CIP2_6	5562
7	1793	3579	5365	784CIP2_7	5562
8	1794	3580	5366	784CIP2 8	5562
9	1795	3581	5367	784CIP2 9	5563
10	1796	3582	5368	784CIP2 10	5564
11	1797	3583	5369	784CIP2 11	5565
12	1798	3584	5370		
				784CIP2_12	5689
13	1799	3585	5371	784CIP2_13	5729
14	1800	3586	5372	784CIP2 14	5745
15	1801	3587	5373	784CIP2 15	5777
16	1802	3588	5374	784CIP2 16	5777
17	1803	3589	5375	784CIP2_16	5777
18	1804	3590	5376	784CIP2_18	5792
19	1805	3591	5377	784CIP2_19	5804
20	1806	3592	5378	784CIP2_20	5805
21	1807	3593	5379	784CIP2 21	5805
22	1808	3594	5380	784CTP2 22	5844
23				784CIP2_22	
	1809	3595	5381	784CIP2_23 784CIP2_24	5844
24	1810	3596	5382		5850
25	1811	3597	5383	784CIP2 25	5867
26	1812	3598	5384	784CIP2 26	5973
27	1813	3599	5385	784CIP2 27	5995
28	1814	3600	5386	784CIP2 28	5995
29	1815				
		3601	5387	784CIP2_29	6005
30	1816	3602	5388	784CIP2_30	6007
31	1817	3603	5389	784CIP2 31	6007
32	1818	3604	5390	784CIP2 32	6009
33	1819	3605	5391	784CIP2 33	6012
34	1820	3606	5392	784CIP2 34	6015
35	1821	3607	5393	784CIP2_35	6016
36	1822	3608	5394	784CIP2_36	6016
37	1823	3609	5395	784CIP2 37	6018
38	1824	3610	5396	784CIP2 38	6018
39	1825	3611	5397	784CIP2 39	6018
40	1826	3612	5398	784CIP2 40	6023
41					
	1827	3613	5399	784CIP2_41	6070
42	1828	3614	5400	784CIP2_42	6081
43	1829	3615	5401	784CIP2_43	6089
44	1830	3616	5402	784CIP2 44	6118
45	1831	3617	5403	784CIP2 45	6118
46	1832	3618	5404	784CIP2 46	6130
47	1833	3619	5404	784CIP2_46	
					6177
48	1834	3620	5406	784CIP2_48	6189
4.9	1835	3621	5407	784CIP2 49	6191
50	1836	3622	5408	784CIP2 50	6204
51	1837	3623	5409	784CIP2 51 ·	6204
52	1838	3624	5410	784CIP2 52	6284
53	1839	3625	541).	784CIP2_53	6367
54	1840	3626	5412	784CIP2 54	6436
55	1841	3627	5413	784CIP2 55	6442
56	1842	3628	5414	784CIP2 56	6445
57	1843	3629	5415	784CIP2 57	6457
58	1844	3630	5416	784CIP2_57	6458
59					
59	1845	3631	5417	784CIP2_59	6458

of sull-neight mucleotide sequence sequ	SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	I SEO ID	Priority	SEO ID
		NO: of				
					corresponding	U.S.S.N.
Sequence   Sequence			sequence			09/488,725
60 1846 3632 5418 736CIP 6 6432 61 1847 3633 3639 5419 736CIP 6 6439 62 1848 3634 5420 756CIP 6 6439 63 1849 3635 5422 786CIP 6 6439 64 1850 3636 5422 786CIP 6 6439 64 1850 3636 5422 786CIP 6 6534 65 1851 3637 5422 786CIP 6 6534 66 1852 3638 5424 786CIP 6 6534 66 1852 3638 5424 786CIP 6 6534 66 1852 3638 5424 786CIP 6 6534 66 1852 3638 5424 786CIP 6 6534 67 1854 3640 5427 786CIP 6 6534 68 1854 3640 5427 786CIP 7 6540 70 1856 3642 5428 786CIP 7 7 6547 71 1857 3643 5429 786CIP 7 7 6537 72 1858 3644 5430 786CIP 7 7 6537 73 1859 3648 5431 786CIP 7 7 6630 74 1860 3646 5432 786CIP 7 7 6630 75 1851 3647 5433 786CIP 7 7 6630 76 1856 3648 5431 786CIP 7 7 6630 77 1853 3648 5430 786CIP 7 7 6630 78 1851 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1851 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1851 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1851 3648 5430 786CIP 7 7 6630 78 1851 3649 5435 786CIP 7 7 6630 78 1851 3649 5435 786CIP 7 7 6630 78 1861 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1861 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1861 3647 5433 786CIP 7 7 6630 78 1863 3658 5434 786CIP 7 7 6630 78 1863 3658 5434 786CIP 7 7 6630 78 1864 3650 5456 5432 786CIP 7 7 6630 78 1865 3658 5436 786CIP 7 7 6630 78 1868 3651 5437 786CIP 7 7 6630 78 1868 3651 5437 786CIP 7 7 6630 78 1868 3651 5437 786CIP 7 7 6630 78 1868 3651 5437 786CIP 7 7 6630 78 1868 3650 5436 5430 786CIP 7 7 6630 78 1868 3650 5436 5430 786CIP 7 7 6630 78 1868 3650 5436 5430 786CIP 7 7 6630 78 1868 3650 5436 786CIP 7 7 6630 78 1868 3650 5436 786CIP 7 7 7 6630 78 1868 3650 5436 786CIP 7 7 7 6630 78 1868 3650 5456 786CIP 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7 7	sequence			sequence		1
61 1447 3533 5419 76ACTP2 63 6472 62 1848 3654 5520 76ACTP2 63 6479 63 1849 3658 5422 76ACTP2 63 6479 63 1849 3658 5422 76ACTP2 63 6479 64 1850 3656 5422 76ACTP2 63 6479 65 1851 3637 5423 76ACTP2 65 6531 65 1851 3637 5423 76ACTP2 65 6531 66 1852 3638 5422 76ACTP2 65 6531 67 1853 3639 5415 76ACTP2 67 6540 67 1853 3639 5415 76ACTP2 67 6540 67 1853 3639 5415 76ACTP2 67 6540 67 1853 3640 5420 76ACTP2 67 6540 70 1856 3640 5420 76ACTP2 77 6532 74 1857 3641 5420 76ACTP2 77 6532 75 1858 3640 5420 76ACTP2 77 6532 77 1 1857 3641 5420 76ACTP2 77 6532 77 1 1857 3641 5430 76ACTP2 77 6632 78 1850 3646 5430 76ACTP2 77 6632 78 1850 3648 5431 76ACTP2 77 6632 78 1851 3647 5431 76ACTP2 77 6632 78 1852 3648 5431 76ACTP2 77 6632 78 1852 3648 5434 76ACTP2 77 6832 78 1863 3648 5434 76ACTP2 77 6832 78 1865 3648 5434 76ACTP2 77 6832 78 1865 3648 5434 76ACTP2 77 6832 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3648 5436 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5437 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5438 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5438 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5438 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5440 76ACTP2 77 6833 78 1865 3658 5440 76ACTP2 77 6833 78 1867 3658 5440 76ACTP2 77 6833 78 187 187 187 187 187 187 187 187 187 1					application	
62					784CIP2_60	
63 1449 3638 5471 784CTP2 63 6439 64 1850 3656 5422 784CTP2 64 6595 65 1851 3637 5422 784CTP2 64 6595 66 1852 3638 5424 784CTP2 65 6534 66 1852 3638 5424 784CTP2 67 6540 67 1853 3639 5425 784CTP2 67 6540 68 1854 3640 3426 784CTP2 67 6540 69 1855 3641 5427 784CTP2 69 6555 70 1856 3642 5428 784CTP2 69 6555 71 1857 3643 5422 784CTP2 76 6592 71 1857 3643 5426 784CTP2 76 6592 72 1858 3644 5430 784CTP2 71 6645 73 1858 3646 5431 784CTP2 73 6673 74 1852 3646 5431 784CTP2 73 6673 75 1852 3646 5431 784CTP2 73 6673 76 1862 3648 5431 784CTP2 73 6673 76 1862 3648 5431 784CTP2 73 6673 77 1863 3649 5431 784CTP2 73 6703 78 1864 3650 5436 784CTP2 77 6831 78 1864 3650 5436 784CTP2 78 6831 78 1864 3650 5436 784CTP2 78 6831 80 1866 3652 5438 784CTP2 78 6831 81 1867 3653 5444 784CTP2 78 6831 82 1868 3654 5440 784CTP2 78 6831 82 1868 3654 5440 784CTP2 78 6831 83 1866 3652 5438 784CTP2 78 6832 84 1870 3655 5442 784CTP2 78 6831 84 1870 3655 5444 784CTP2 78 6831 85 1866 3652 5438 784CTP2 78 6832 86 1870 3655 5444 784CTP2 78 6831 87 1870 3655 5444 784CTP2 78 6831 88 1870 3655 5444 784CTP2 78 6831 89 1871 3657 5447 784CTP2 78 6831 89 1871 3658 3651 547 784CTP2 78 6831 89 1871 3658 3659 5440 784CTP2 80 6834 89 1872 3658 5444 784CTP2 80 6834 89 1879 3655 5444 784CTP2 80 6834 89 1879 3655 5444 784CTP2 80 6834 89 1879 3655 5444 784CTP2 80 6834 89 1878 3656 5442 784CTP2 80 6835 89 1878 3656 5442 784CTP2 80 6835 89 1878 3656 5444 784CTP2 80 6835 89 1878 3656 5446 784CTP2 80 7857 89 1878 3656 5447 784CTP2 80 7857 89 1878 3666 5446 784CTP2 80 7857 99 1878 3666 5446 784CTP2 80 7857 99 1878 3666 5446 784CTP2 80 7857 99 1878 3666 5446 784CTP2 98 7002 99 1878 3666 5446 784CTP2 98 7002 99 1888 3677 5467 784CTP2 98 7002 99 1888 3679 5466 784CTP2 99 7002 99 1888 3679 5466 784CTP2 90 7003 100 1889 3666 5466 784CTP2 90 7003 101 1889 3666 5466 784CTP2 107 7003 101 1889 3666 5466 784CTP2 107 7003 101 189 3666 5466 784CTP2 107 7003 101 189 3666					784CIP2_61	
64 1850 5516 5422 784CTP2 64 6555 656 65 1851 3657 5422 784CTP2 65 6531 666 1852 3638 5424 784CTP2 66 6531 666 1852 3638 5424 784CTP2 66 6531 667 1852 3638 5424 784CTP2 66 6531 667 1853 3659 5425 784CTP2 66 6551 668 1854 3640 3426 784CTP2 66 6550 668 1854 3640 3426 784CTP2 66 6550 770 1856 3641 5427 784CTP2 66 6550 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 70 6552 770 1856 3642 5428 784CTP2 71 6645 770 1857 3642 5428 784CTP2 71 6645 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6645 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6645 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6645 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6630 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6830 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6830 770 1851 3645 5428 784CTP2 71 6830 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 3645 5428 784CTP2 70 6832 770 1851 770 770 770 770 770 770 770 770 770 77						
65 1851 3637 5423 7784CTP2 45 5533 66 66 1852 3638 5424 784CTP2 67 5540 67 1853 3638 5424 784CTP2 67 5540 68 1854 3650 5424 784CTP2 67 5540 68 1854 3650 5424 784CTP2 67 5540 68 1855 3641 5427 784CTP2 69 5550 69 1855 3641 5427 784CTP2 69 5550 70 1856 3642 5428 784CTP2 79 5659 70 1856 3642 5428 784CTP2 71 5645 71 1857 3642 5428 784CTP2 71 5645 71 1857 3642 5428 784CTP2 71 5645 71 1857 3646 543 5428 784CTP2 71 5645 71 1859 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1859 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5430 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6645 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6753 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6753 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6753 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6831 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6831 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6831 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6831 71 1851 3646 5431 784CTP2 71 6831 71 1851 3646 71						
66 1852 3538 5427 784CTP2 67 5533 66 1854 3640 8426 784CTP2 67 5530 68 1884 3640 8426 784CTP2 68 5550 69 1884 3640 8426 784CTP2 68 5550 70 1856 3641 8427 784CTP2 68 5550 70 1856 3642 3428 784CTP2 70 5532 70 1856 3642 3428 784CTP2 70 5532 70 1856 3642 3428 784CTP2 70 5532 70 1856 3642 3428 784CTP2 70 5532 70 1856 3642 3428 784CTP2 70 5532 70 1856 3642 3428 784CTP2 71 6645 70 1856 3642 3428 784CTP2 71 6645 70 1856 3642 3428 784CTP2 71 6645 70 1858 3646 8431 784CTP2 72 6677 34 1850 3645 8431 784CTP2 72 6677 34 1850 3645 8431 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 4533 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 4533 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 4533 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 4533 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 4533 784CTP2 73 6763 77 34 1853 3447 3453 784CTP2 77 6763 78 1865 3651 5437 784CTP2 77 6763 78 1865 3651 5437 784CTP2 77 6763 78 1865 3651 5437 784CTP2 79 6832 1865 3651 5437 784CTP2 79 6832 1865 3651 5437 784CTP2 79 6832 1865 3651 5437 784CTP2 79 6832 1866 3652 3438 784CTP2 79 6832 1866 3652 3438 784CTP2 79 6832 1866 3652 3438 784CTP2 79 6832 1866 3654 3458 784CTP2 79 6833 1866 3654 3458 784CTP2 79 6833 1866 3654 3458 784CTP2 79 6833 1866 3654 3458 784CTP2 79 6833 6834 3466 3458 3458 3458 3458 3458 3458 3458 3458						
67 1853 3639 5425 784CIP2 67 5540 68 1854 3640 5426 784CIP2 67 5550 69 1855 3641 5427 784CIP2 67 5550 70 1856 3642 5428 784CIP2 67 6552 71 1857 3641 5427 784CIP2 76 6553 72 1858 3644 5429 784CIP2 71 6645 72 1858 3644 5429 784CIP2 71 6645 73 1859 3646 5431 784CIP2 73 6675 74 1850 3646 5431 784CIP2 73 6765 74 1850 3646 5431 784CIP2 73 6765 74 1850 3646 5431 784CIP2 73 6765 75 1851 3647 5433 784CIP2 75 6786 76 1851 3647 5433 784CIP2 75 6786 77 1851 3647 5433 784CIP2 75 6786 77 1851 3648 3648 5434 784CIP2 75 6824 77 1851 3651 3652 5436 784CIP2 77 6825 78 1863 3653 5436 784CIP2 77 6825 80 1866 3652 5436 784CIP2 77 6835 80 1866 3652 5436 784CIP2 78 6835 81 1867 3652 5438 784CIP2 78 6835 82 1868 3654 5440 784CIP2 78 6835 83 1869 3655 5441 784CIP2 88 6835 84 1870 3655 5441 784CIP2 88 6835 85 1871 3657 3658 5441 784CIP2 88 6835 86 1872 3658 5444 784CIP2 86 6831 86 1872 3658 5444 784CIP2 86 6831 87 1873 3660 5446 784CIP2 87 6835 88 1873 3659 5447 784CIP2 87 6835 88 1873 3659 5447 784CIP2 87 6835 89 1873 3659 5447 784CIP2 87 6835 89 1871 3657 5443 784CIP2 87 6835 89 1871 3657 5443 784CIP2 87 6835 89 1871 3657 5443 784CIP2 87 6835 89 1871 3657 5443 784CIP2 87 6835 89 1873 3669 5444 784CIP2 86 6831 89 1873 3669 5444 784CIP2 86 6831 89 1875 3669 5444 784CIP2 87 6932 89 1881 3667 5458 784CIP2 87 6932 89 1881 3667 5458 784CIP2 87 784CIP2 87 6932 89 1881 3667 5458 784CIP2 87 784CIP2 87 7957 99 1 1877 3665 5451 784CIP2 87 7957 99 1 1877 3665 5451 784CIP2 87 7957 99 1 1878 3669 5454 784CIP2 87 7957 99 1 1883 3666 5456 784CIP2 87 7957 99 1 1883 3666 5456 784CIP2 87 7957 99 1 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 99 1 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 88 7957 1883 3669 5456 784CIP2 88 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 88 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 88 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 1883 3669 5456 784CIP2 87 7957 189 1884 3669 5466 784CIP2 87 7957 189 1884 3669 5466 78						
68 1884 3640 5426 784CPP 66 5550 69 1885 3641 5427 784CPP 67 5557 70 1886 3642 3428 784CPP 77 6592 71 1886 3642 3428 784CPP 77 6592 72 1888 3644 3430 784CPP 72 6671 73 1886 3644 3430 784CPP 72 6671 73 1886 3646 3432 784CPP 72 6671 74 1887 3645 3447 784CPP 72 6671 75 1860 3646 3432 784CPP 74 6765 76 1862 3448 3430 784CPP 74 6765 77 1863 3448 3430 784CPP 74 6765 77 1863 3448 3431 784CPP 74 6765 78 1865 3651 5437 784CPP 77 6837 78 1865 3651 5437 784CPP 77 6837 78 1865 3651 5437 784CPP 77 6837 79 1865 3651 5437 784CPP 78 6832 80 1866 3652 3438 784CPP 78 6832 81 1867 3650 3441 784CPP 78 6832 82 1868 3654 3457 784CPP 78 6833 83 1869 3654 3440 784CPP 83 6831 84 187 3650 3441 784CPP 83 6837 85 1877 3655 3441 784CPP 83 6837 86 1877 3656 3652 3438 784CPP 83 6837 87 9 1865 3651 5437 784CPP 77 784CPP 78 784CPP 79 784					784CIP2_66	
69 1.855 3-641 5427 78-CCPP_69 6555 70 1.856 3-642 5428 78-CCPP_71 6852 71 1.857 3-643 5428 78-CCPP_71 6645 72 1.858 3-644 5430 78-CCPP_71 6645 73 1.859 3-645 5431 78-CCPP_71 6645 74 1.860 3-646 5431 78-CCPP_72 6675 75 1.851 3-647 5433 78-CCPP_73 67-86 76 1.851 3-647 5433 78-CCPP_75 67-86 76 1.851 3-647 5433 78-CCPP_75 67-86 77 1.851 3-647 5433 78-CCPP_75 67-86 78 1.851 3-648 5434 78-CCPP_75 6830 78 1.851 3-648 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.851 3-648 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.851 3-648 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.851 3-653 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.856 3-653 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.856 3-653 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.866 3-653 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.867 3-653 5436 78-CCPP_77 6830 78 1.868 3-653 5436 78-CCPP_78 6831 81 1.867 3-653 5436 78-CCPP_80 6831 82 1.868 3-654 5430 78-CCPP_80 6831 83 1.869 3-654 5430 78-CCPP_80 6831 84 1.870 3-656 5441 78-CCPP_80 6831 85 1.871 3-657 5431 78-CCPP_80 6831 86 1.872 3-658 5442 78-CCPP_80 6831 87 187 3-658 5445 78-CCPP_80 6831 88 1.874 3-650 5446 78-CCPP_80 6831 89 1.874 3-650 5446 78-CCPP_80 6831 89 1.874 3-650 5446 78-CCPP_80 6851 89 1.874 3-650 5446 78-CCPP_80 6851 89 1.875 3-658 5447 78-CCPP_80 6851 89 1.877 3-650 5446 78-CCPP_80 6851 89 1.879 3-656 5447 78-CCPP_80 6851 89 1.879 3-656 5447 78-CCPP_80 6851 89 1.879 3-656 5447 78-CCPP_80 6851 89 1.881 3-656 5447 78-CCPP_80 7970 99 1.883 3-666 5448 78-CCPP_80 7070 99 1.883 3-667 5450 78-CCPP_80 7070 99 1.883 3-669 5456 78-CCPP_90 7070 90 1.884 3-600 5466 78-CCPP_					704CIP2 67	
70 1856 3642 \$428 784CPP_7C 6532 71 1857 3643 \$429 784CPP_7C 6532 72 1858 3644 \$430 784CPP_7C 6535 73 1859 3645 \$431 784CPP_7C 6635 74 1850 3646 \$432 784CPP_7C 6637 74 1850 3646 \$432 784CPP_7C 6637 74 1850 3646 \$432 784CPP_7C 6637 74 1850 3646 \$432 784CPP_7C 6637 74 1850 3646 \$432 784CPP_7C 6637 75 1851 3647 \$433 784CPP_7C 6637 76 1853 3646 \$434 784CPP_7C 6637 77 1851 3647 \$433 784CPP_7C 6637 78 1865 3651 \$434 784CPP_7C 6637 78 1865 3651 \$437 784CPP_7C 6637 78 1865 3651 \$437 784CPP_7C 6637 78 1865 3651 \$437 784CPP_7C 6637 80 1866 3652 \$438 784CPP_7C 78 6837 81 1867 3651 \$439 784CPP_7C 78 6837 82 1868 3654 \$440 784CPP_7C 8637 83 1869 3655 \$441 784CPP_7C 8637 84 1870 3656 \$441 784CPP_7C 8637 86 1877 3656 \$441 784CPP_7C 86 6637 86 1874 3660 \$446 784CPP_7C 86 6637 87 67 67 67 67 67 67 67 67 67 67 67 67 67						
71 1857 3642 5429 784CPP_71 6645 72 1858 3644 5510 784CPP_72 3 6675 73 1859 3645 5431 784CPP_73 6675 74 1860 3646 5432 784CPP_73 6676 75 1861 3647 5432 784CPP_73 6765 76 1861 3647 5433 784CPP_75 6786 77 1863 3648 5434 784CPP_75 6786 77 1863 3648 5434 784CPP_77 6830 78 1861 3647 5433 784CPP_77 6830 78 1861 3649 5435 784CPP_77 6830 79 1863 3648 5436 784CPP_77 6830 79 1863 3653 5437 784CPP_77 6830 79 1863 3653 5437 784CPP_77 6830 79 1864 3650 5436 784CPP_78 6831 79 1865 3653 5437 784CPP_78 6831 79 1865 3653 5437 784CPP_78 6831 79 1866 3653 5437 784CPP_78 6831 79 1867 5438 3653 5437 784CPP_78 6831 79 1868 3654 5430 784CPP_8 2 6831 79 1868 3654 5440 784CPP_8 2 6831 79 1868 3654 5440 784CPP_8 2 6831 79 1868 3655 5441 784CPP_8 2 6831 79 1868 3656 5446 784CPP_8 2 6831 79 1868 3656 5446 784CPP_8 2 6831 79 1868 3656 5446 784CPP_8 2 6831 79 1868 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5468 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5468 5448 784CPP_8 3 6851 79 1869 5468 5468 784CPP_9 3 6851 79 1869 5468 5468 784CPP_9 3 7020 79 1869 5666 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3 7020 70 1868 5679 5458 784CPP_9 3	70					
72 1888 3644 \$500 784CPF_72 6671 73 1859 3645 \$501 784CPF_72 6671 74 1860 3646 \$432 784CPF_74 6763 75 1851 3647 \$342 784CPF_74 6763 76 1852 3648 \$434 784CPF_76 6824 76 1852 3648 \$434 784CPF_76 6824 77 1852 3648 \$434 784CPF_76 6824 78 1854 3650 \$435 784CPF_78 6830 78 1854 3650 \$435 784CPF_78 6831 78 1855 3650 \$435 784CPF_78 6831 78 1856 3650 \$435 784CPF_78 6831 78 1857 3651 \$435 784CPF_78 6831 78 1858 3651 \$435 784CPF_78 6831 78 1858 3651 \$435 784CPF_88 6831 78 1859 3655 \$438 784CPF_88 6831 78 1859 3656 \$430 784CPF_88 6831 78 187 3650 \$435 784CPF_88 6831 78 187 3650 \$435 784CPF_88 6831 78 187 3650 \$435 784CPF_88 6831 78 187 3650 \$435 784CPF_88 6831 78 187 3650 \$435 784CPF_88 6831 78 18 18 18 18 18 18 18 18 18 18 18 18 18	71					
73 1859 5645 5411 784CPP_73 6763 74 1860 3646 5432 784CPP_74 6763 75 1851 3647 5433 784CPP_75 6786 75 1851 3647 5433 784CPP_75 6786 76 1862 3648 5434 784CPP_75 6830 776 1863 3648 5435 784CPP_77 6830 776 1863 3648 5435 784CPP_77 6830 777 1863 3648 5435 784CPP_77 6830 778 1863 3648 5435 784CPP_77 6830 80 1866 3652 5436 784CPP_78 6831 81 1867 3652 5438 784CPP_80 6831 82 1868 3654 540 784CPP_80 6831 83 1869 3655 5440 784CPP_80 6831 84 1870 3656 5442 784CPP_80 6831 85 1871 3657 5440 784CPP_80 6831 86 1872 3658 5440 784CPP_80 6831 87 187 187 187 187 187 187 187 187 187 1		1858				
74 1860 3646 5432 784CFP_74 6763 75 1851 3647 3437 784CFP_75 6786 76 1852 3648 544 784CFP_76 6824 776 1852 3648 544 784CFP_76 6824 778 1854 3859 5445 784CFP_78 6835 778 1854 3859 5445 784CFP_78 6835 778 1854 3859 5445 784CFP_78 6835 80 1855 3651 5439 784CFP_78 6835 81 1867 3651 5439 784CFP_81 6834 82 1868 3654 5440 784CFP_81 6834 83 1869 3655 5441 784CFP_81 6837 84 1870 3656 5442 784CFP_81 6837 85 1871 3659 3655 5441 784CFP_81 6837 86 1871 3659 3656 5442 784CFP_81 6837 87 187 187 187 187 187 187 187 187 187 1	73	1859			784CTP2 73	
75 1861 3647 5433 784CPP_75 6766 76 1862 3648 8434 784CPP_75 6824 77 1863 3649 5435 784CPP_77 6830 78 1863 3649 5435 784CPP_77 6830 78 1864 3650 5436 784CPP_77 6830 79 1865 3651 5437 784CPP_79 6832 83 1866 3651 5437 784CPP_79 6832 83 1 1666 3652 5436 784CPP_79 6832 84 1867 3652 5436 784CPP_81 6834 84 1870 3658 5436 784CPP_81 6834 85 1871 3657 3658 5440 784CPP_81 6834 86 1872 3658 5440 784CPP_81 6834 86 1872 3658 5440 784CPP_81 6834 87 1870 3658 5440 784CPP_81 6834 88 1874 3650 5446 784CPP_81 6835 89 1875 3655 5446 784CPP_81 6855 89 1875 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 6855 89 1879 3651 5447 784CPP_81 7857 89 1878 3651 5447 784CPP_81 7857 89 1878 3651 5447 784CPP_81 7857 89 1881 3656 5448 784CPP_91 7857 89 1881 3656 5448 784CPP_91 7857 89 1881 3656 5448 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1881 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1883 3666 5446 784CPP_91 7857 89 1884 3670 5456 784CPP_91 7857 89 1884 3670 5456 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1884 3670 5456 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_91 7857 89 1885 3671 5457 784CPP_9	74	1860	3646	5432		
76	75	1851	3647	5433		
78 1864 3650 5435 794CUP2 78 6331 78 1864 3650 5451 794CUP2 78 6331 78 1865 3651 5451 784CUP2 78 6332 80 1866 3652 5438 784CUP2 80 6334 81 1867 3652 5438 784CUP2 80 6334 81 1867 3652 5438 784CUP2 80 6334 82 1868 3654 5440 784CUP2 82 6835 83 1869 3655 5441 784CUP2 82 6835 6837 844 1870 3656 5442 784CUP2 84 6843 84 1870 3656 5442 784CUP2 84 6843 68 1871 3657 5441 784CUP2 86 6515 6859 86 1872 3658 5444 784CUP2 86 6515 865 844 784CUP2 86 6515 8659 86 1872 3658 5442 784CUP2 86 6515 865 844 784CUP2 86 6515 865 8442 784CUP2 86 6515 865 865 865 865 865 865 865 865 865 86				5434		6824
79 1665 3651 5437 784CFF_73 6832 883 80 1866 3652 5438 784CFF_80 6833 81 1867 3652 5438 784CFF_80 6833 82 1868 3654 5540 784CFF_80 6833 82 1868 3654 5540 784CFF_80 6833 83 1869 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1869 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1869 3656 5442 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1877 3655 5440 784CFF_80 6833 683 1874 3656 5445 784CFF_80 6833 683 1874 3656 5445 784CFF_80 6833 683 1874 3656 5445 784CFF_80 6833 683 1874 3660 5446 784CFF_80 6833 685 1874 3660 5446 784CFF_80 6833 685 1874 3660 5446 784CFF_80 6853 6855 1875 1875 1876 5440 784CFF_80 6853 1875 3660 5446 784CFF_80 6853 6855 1875 1876 5440 784CFF_80 6853 1875 3660 5446 784CFF_80 6853 1875 3660 5446 784CFF_80 784C			3649	5435		
80 1866 3452 5438 784CFP 80 6331 81 1867 3651 3652 5438 784CFP 80 6331 82 1868 3664 5440 784CFP 81 6832 6833 1869 3656 5440 784CFP 81 6832 6833 1869 3655 5441 784CFP 81 6843 6832 683 1869 3655 5441 784CFP 81 6843 6832 685 1871 3657 5443 784CFP 83 6855 6855 686 1872 3658 5444 784CFP 85 6855 6855 686 1872 3658 5444 784CFP 86 6831 683 1873 3659 5444 784CFP 86 6831 683 1875 3659 5445 784CFP 86 6831 683 1875 3659 5444 784CFP 86 6831 683 1875 3659 5445 784CFP 80 6857 6832 685 1871 3658 5445 784CFP 80 6857 6832 685 1871 3658 5445 784CFP 80 6857 6832 784CFP 80 6857 6858 6859 685 1875 6855 6855 6855 784CFP 80 6857 6858 6859 685 1875 6855 6855 784CFP 80 6857 6858 6859 6858 6859 6859 6859 6859 6859					784CIP2_78	6831
81 1867 3653 5433 784CFF 81 783TF 84 84 84 84 84 84 84 84 84 84 84 84 84						6832
82 1568 3654 5540 794CFF 82 6843 6843 83 1659 3655 8441 794CFF 82 6843 6843 1870 3655 8442 784CFF 83 6843 6843 1870 3655 8442 784CFF 84 6842 85 1871 3657 8443 784CFF 85 6855 865 865 1871 3657 8443 784CFF 85 6855 865 865 1872 3659 8444 784CFF 86 6813 87 1873 3659 8444 784CFF 86 6813 87 1874 3660 5446 784CFF 88 6851 87 1874 3660 5446 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 88 6857 89 1875 3651 5447 784CFF 89 6857 89 1875 3656 5446 784CFF 84 784CFF 8						
83 1865 3655 3451 784CFP 28 6837 884 1871 784CFP 28 6837 885 1871 3657 5442 784CFP 28 6855 8542 784CFP 28 6855 854 1871 3657 5443 784CFP 28 6855 865 1871 3658 5442 784CFP 28 6855 865 1871 3658 5444 784CFP 28 6851 87 1673 3658 5444 784CFP 28 6851 87 1673 3658 5444 784CFP 28 6851 88 1874 3650 5446 784CFP 28 6851 89 1875 3661 5447 784CFP 28 6851 99 1875 3661 5447 784CFP 28 6851 99 1476 3662 5448 784CFP 28 6851 99 1476 3662 5448 784CFP 29 6851 99 1476 3665 5448 784CFP 29 6873 7607 99 1476 3665 5448 784CFP 29 7007 873 1479 3665 5448 784CFP 29 7007 873 1479 3665 5448 784CFP 29 7007 873 1479 3665 5448 784CFP 29 7007 873 1479 3665 5448 784CFP 29 7007 873 1479 3665 5448 784CFP 29 7007 874 1881 3666 5452 784CFP 29 7007 874 1881 3666 5452 784CFP 29 7007 874 1881 3667 5452 784CFP 29 7007 874 1881 3666 5452 784CFP 29 7007 874 1881 3665 5451 784CFP 29 7007 874 1881 3665 5451 784CFP 29 7007 874 1881 3665 8452 784CFP 29 7007 874 1881 3665 8452 784CFP 29 7007 874 1881 3665 8452 784CFP 29 7007 874 1881 3665 8452 784CFP 29 7007 874 1881 3665 8452 784CFP 29 7007 7007 89 1884 3669 5465 784CFP 29 7007 7007 7007 189 1885 3671 5457 784CFP 29 7007 7007 7007 7007 189 189 1884 3669 5466 784CFP 29 7007 7007 7007 7007 189 189 3675 5461 784CFP 20 7007 7007 7007 189 3675 5461 784CFP 20 7007 7007 7007 189 3675 5461 784CFP 20 7007 7007 7007 189 3675 5461 784CFP 20 7007 7007 7007 189 3675 5461 784CFP 20 7007 7007 7007 1907 1907 1907 1907 190						
84 1870 3656 542 784CFF 84 6643 85 1871 3657 5443 784CFF 85 6655 86 1872 3658 5444 784CFF 85 6655 87 1873 3659 5445 784CFF 85 6655 88 1874 3660 5446 784CFF 85 6555 89 1874 3660 5446 784CFF 86 6573 89 1875 3661 5447 784CFF 86 6573 99 1875 3661 5447 784CFF 86 6573 99 1876 3665 5448 784CFF 86 784CFF 87 784CF					784CIP2_82	
85 1871 3457 5443 794CPP 83 6959 6959 695 695 695 695 695 695 695 6					784CIP2_83	
86 1872 3358 5444 784CIP2 86 5835 874 888 1874 35650 5445 784CIP2 87 6835 88 1874 35650 5446 784CIP2 87 6835 88 1874 35650 5446 784CIP2 88 6857 88 1875 3651 5447 784CIP2 88 6857 89 1875 3651 5447 784CIP2 88 6857 99 1876 3652 5448 784CIP2 90 6873 99 1876 3662 5448 784CIP2 90 6873 99 1876 3665 5448 784CIP2 90 6873 99 1876 3665 5448 784CIP2 90 7873 7607 99 1875 99 1875 99 1875 99 1878 99 1875 99 19 19 19 19 19 19 19 19 19 19 19 19						
87 1873 3659 5445 784CFF2 87 65532 88 1874 1875 1875 1875 1875 1875 1875 1875 1875						
88 1874 3560 5346 784CFF 88 5957 89 1875 3661 5447 784CFF 88 5957 90 1876 3662 5448 784CFF 89 5861 91 1877 3663 5447 784CFF 89 5861 91 1877 3663 5448 784CFF 89 5877 92 1878 3664 5450 784CFF 89 7007 92 1878 3664 5450 784CFF 89 7007 93 1879 3665 5451 784CFF 89 7007 94 1880 3666 5452 784CFF 89 7007 95 1881 3665 5451 784CFF 89 7007 97 1883 3665 5452 784CFF 89 7007 97 1883 3665 5452 784CFF 89 7007 98 1884 3670 5456 784CFF 89 7007 100 1886 3672 5457 784CFF 100 7027 101 1887 3673 5458 784CFF 100 7027 101 1887 3675 5456 784CFF 100 7027 102 1888 3674 5460 784CFF 107 7028 103 1889 3675 5460 784CFF 107 7028 104 1889 3676 5460 784CFF 107 7028 105 1889 3676 5460 784CFF 107 7028 106 1890 3676 5460 784CFF 107 7028 107 1889 3676 5460 784CFF 107 7031 108 1891 3676 5460 784CFF 107 7031 109 1893 3676 5460 784CFF 107 7031 109 1893 3676 5460 784CFF 107 7031 109 1893 3676 5460 784CFF 107 7031 109 1894 3680 5466 784CFF 107 7031 109 1895 3685 5466 784CFF 107 7031 109 1894 3680 5466 784CFF 107 7031 109 1895 3681 5467 784CFF 107 7031 109 1894 3680 5466 784CFF 107 7034 110 1897 3683 5465 784CFF 107 7034 110 1898 3664 5470 784CFF 107 7034 111 1897 3683 5469 784CFF 107 7034 112 1898 3684 5470 784CFF 107 7034 113 1898 3685 5471 784CFF 107 7034 114 1897 3683 5469 784CFF 117 7046 115 1900 3686 5472 784CFF 117 7046 117 1900 3686 5472 784CFF 117 7046 118 1904 3689 5476 784CFF 117 7046 119 1900 3686 5477 784CFF 117 7046 111 1897 3683 5477 784CFF 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF 117 7046 111 1900 3686 5477 784CFF 117 7047						
89 1875 3661 5447 784CFF2 85 75651 99 1876 3662 5448 784CFF2 96 6873 91 1877 3663 5448 784CFF2 91 6873 91 1877 3663 5448 784CFF2 91 6873 92 1878 3664 5450 784CFF2 91 6873 93 1879 3665 5451 784CFF2 94 7018 94 1880 3666 5451 784CFF2 94 7018 95 1881 3667 5453 784CFF2 95 7019 96 1882 3668 5455 784CFF2 98 7020 97 1883 3666 5455 784CFF2 98 7021 1883 3666 5455 784CFF2 98 7021 1883 3666 5455 784CFF2 98 7021 1883 3670 5456 784CFF2 98 7021 100 1885 3671 5456 784CFF2 98 7021 101 1887 3668 5455 784CFF2 98 7021 102 1888 3674 5466 784CFF2 103 7027 103 1899 3675 5461 784CFF2 103 7027 104 1890 3676 5462 784CFF2 103 7027 105 1891 3677 5463 784CFF2 103 7023 106 1892 3678 5461 784CFF2 103 7023 107 108 1894 3680 5466 784CFF2 103 7023 108 1894 3680 5466 784CFF2 103 7023 109 1895 3678 5461 784CFF2 103 7023 109 1890 3678 5462 784CFF2 103 7023 101 1890 3678 5462 784CFF2 103 7023 105 1691 3677 5463 784CFF2 107 7026 106 1892 3678 5466 784CFF2 107 7026 107 1893 3679 5466 784CFF2 107 7026 108 1894 3680 5466 784CFF2 107 7026 109 1895 3681 5466 784CFF2 107 7026 109 1895 3681 5466 784CFF2 107 7026 109 1895 3681 5467 784CFF2 107 7026 109 1895 3681 5467 784CFF2 107 7026 109 1895 3681 5467 784CFF2 107 7026 101 110 1896 3682 5468 784CFF2 107 7026 101 110 1896 3682 5468 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1897 3683 5469 784CFF2 117 7046 111 1903 3688 5476 784CFF2 118 7117 115 1901 3688 5476 784CFF2 118 7117 116 3693 3688 5476 784CFF2 118 7117 117 1503 3688 5476 784CFF2 118 7117 118 1904 3690 5478 784CFF2 119 7113						
90 1876 3662 5448 784CIP2_90 5873 91 1876 3663 5449 784CIP2_91 5873 92 1878 3663 5449 784CIP2_91 5873 93 1879 3663 5450 784CIP2_93 7007 93 1879 3665 5450 784CIP2_93 7007 94 1880 3666 5452 784CIP2_93 7007 95 1880 3666 5452 784CIP2_93 7018 95 1882 3666 5452 784CIP2_93 7018 96 1882 3666 5452 784CIP2_93 7018 97 1883 3666 5452 784CIP2_93 7018 98 1884 3666 5452 784CIP2_93 7021 99 1885 3668 5455 784CIP2_98 7021 100 1886 5672 5456 784CIP2_100 7027 101 1887 3679 5456 784CIP2_100 7027 102 1888 3674 5460 784CIP2_100 7027 103 1889 3674 5460 784CIP2_100 7028 104 1889 3675 5460 784CIP2_100 7028 105 1889 3675 5460 784CIP2_100 7028 106 1882 3679 5460 784CIP2_100 7028 107 1889 3674 5460 784CIP2_100 7028 108 1892 3679 5462 784CIP2_100 7032 109 1895 3685 5466 784CIP2_100 7032 109 1894 3680 5466 784CIP2_100 7032 109 1894 3680 5466 784CIP2_100 7036 109 1894 3680 5466 784CIP2_100 7036 109 1894 3680 5466 784CIP2_100 7036 109 1895 3681 5467 784CIP2_100 7036 110 1896 3682 5468 784CIP2_100 7036 110 1896 3684 5470 784CIP2_100 7034 111 1897 3683 5469 784CIP2_101 7036 112 1898 3684 5470 784CIP2_101 7036 113 1898 3685 5471 784CIP2_101 7036 114 1897 3683 5478 784CIP2_101 7036 115 1900 3686 5472 784CIP2_101 7037 116 1898 3685 5471 784CIP2_101 7034 117 1503 3689 5477 784CIP2_101 7034 118 1904 3680 5477 784CIP2_101 7034 119 1505 3687 5477 784CIP2_101 7034 110 1898 3685 5477 784CIP2_101 7034 111 1907 3689 3685 5477 784CIP2_101 7034 111 1907 3689 3685 5477 784CIP2_101 7034 111 1907 3689 3685 5477 784CIP2_101 7034 111 1907 3689 3685 5477 784CIP2_101 7034 111 1907 3689 3685 5477 784CIP2_101 7031						
91 1877 3:663 5449 784CFP_01 5873 92 1878 3:664 5450 784CFP_01 5873 93 1879 3:665 5451 784CFP_02 4 7018 94 1880 3:666 5451 784CFP_02 4 7018 95 1881 3:667 5451 784CFP_02 5 7019 95 1881 3:667 5453 784CFP_03 7019 96 1881 3:667 5453 784CFP_03 7010 97 1882 3:668 5454 784CFP_03 7020 97 1883 3:668 5454 784CFP_03 7020 98 1884 3:668 5458 784CFP_03 7020 99 1886 3:668 5458 784CFP_03 7020 100 1886 3:672 5455 784CFP_03 7020 101 1887 3:673 5457 784CFP_03 7020 102 1888 3:674 5450 784CFP_03 7020 103 1889 3:675 5457 784CFP_03 7033 104 1890 3:675 5461 784CFP_03 7033 105 1891 3:675 5464 784CFP_03 7033 106 1892 3:678 5464 784CFP_03 7033 107 1893 3:679 5462 784CFP_03 7033 108 1894 3:680 5466 784CFP_03 7033 109 1894 3:680 5466 784CFP_03 7033 109 1895 3:678 5464 784CFP_03 7033 109 1895 3:678 5464 784CFP_03 7033 109 1895 3:678 5464 784CFP_03 7033 1010 1896 3:678 5464 784CFP_03 7033 1010 1896 3:678 5464 784CFP_03 7033 1010 1896 3:688 5468 784CFP_03 7033 1010 1896 3:688 5468 784CFP_03 7034 1010 1896 3:688 5468 784CFP_03 7034 1010 1896 3:688 5468 784CFP_03 7034 1011 1896 3:688 5468 784CFP_03 7034 1012 1896 3:688 5476 784CFP_03 7034 103 1899 3:688 5476 784CFP_03 7034 104 1990 3:688 5476 784CFP_03 7034 105 1891 3:688 5476 784CFP_03 7034 107 1893 3:688 5476 784CFP_03 7034 108 1894 3:680 5466 784CFP_03 7034 109 1895 3:688 5476 784CFP_03 7034 109 109 109 3:688 5476 784CFP_03 7034 109 109 3:688 5476 784CFP_03 7034 109 109 3:6					704CIP2 00	
92 1878 3664 5450 784CP2 33 7007 93 1879 3665 5451 784CP2 34 7018 94 1880 3666 5452 784CP2 35 7019 95 1881 3666 5452 784CP2 35 7019 96 1882 3666 5452 784CP2 37 7019 97 1883 3669 5454 784CP2 37 7020 97 1883 3669 5454 784CP2 39 7021 98 1884 3670 5456 784CP2 39 7023 99 1885 3671 5457 784CP2 101 7028 100 1886 3672 5458 784CP2 101 7028 101 1887 3675 5457 784CP2 101 7028 102 1888 3674 5460 784CP2 102 7029 103 1889 3675 5461 784CP2 103 7031 104 1890 3676 5462 784CP2 103 7031 105 1885 3678 5461 784CP2 105 7033 106 1887 3678 5460 784CP2 107 7038 108 1884 3670 5456 784CP2 107 7038 109 1885 3678 5461 784CP2 107 7038 109 1890 3676 5462 784CP2 107 7035 109 1891 3678 5466 784CP2 107 7035 109 1891 3678 5466 784CP2 107 7035 109 1891 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1891 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1893 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1893 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1893 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1893 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1893 3688 5466 784CP2 107 7043 1010 1895 3688 5466 784CP2 107 7043 1011 1897 3689 5469 784CP2 117 7046 111 1899 3688 5470 784CP2 117 7046 111 1899 3688 5470 784CP2 117 7046 115 1901 3687 5472 784CP2 118 7079 116 1903 3688 5472 784CP2 118 7079 117 1903 3688 5474 784CP2 118 7079 118 1904 3689 5476 784CP2 118 7079 119 1905 3689 5476 784CP2 118 7117 119 1905 3689 5476 784CP2 118 7117	91					
93 1079 3665 5451 784CP2 94 7016  94 1880 3666 5452 784CP2 95 7019  95 1881 3667 5433 784CP2 95 7019  96 1882 3668 5454 784CP2 96 7020  97 1883 3668 5458 784CP2 98 7021  98 1884 3667 5458 784CP2 98 7021  98 1884 3667 5458 784CP2 98 7021  98 1885 3671 5457 784CP2 98 7021  100 1887 3672 5456 784CP2 90 7027  1010 1888 3671 5467 784CP2 100 7027  102 1887 3672 5468 784CP2 101 7028  103 1889 3672 5468 784CP2 101 7028  104 1890 3678 5466 784CP2 103 7035  105 1891 3677 5463 784CP2 107 7036  106 1892 3678 5464 784CP2 107 7036  107 1893 3699 5466 784CP2 107 7036  108 1894 5600 5466 784CP2 107 7036  109 1895 3678 5467 784CP2 107 7036  109 1895 3678 5469 784CP2 107 7036  1010 1896 3682 5468 784CP2 107 7036  1010 1896 5682 5468 784CP2 107 7036  1011 1897 3683 5684 5467 784CP2 107 7036  108 1894 5600 5466 784CP2 107 7036  109 1895 3681 5467 784CP2 107 7036  109 1895 3681 5467 784CP2 107 7036  110 1896 5682 5468 784CP2 11 7046  111 1897 3683 5684 5470 784CP2 11 7056  112 1898 3685 5471 784CP2 11 7056  113 189 3685 5471 784CP2 11 7056  114 189 3685 5471 784CP2 11 7057  115 1961 3688 5471 784CP2 11 7057  116 197 3688 5471 784CP2 11 7076  117 1903 3688 5471 784CP2 11 7076  118 1904 3689 5476 784CP2 11 7078  119 1505 3688 5476 784CP2 11 7078  110 111 1503 3688 5476 784CP2 11 7078  111 119 1505 3689 5476 784CP2 11 7079  112 119 1505 3691 5477 784CP2 110 7113	92					
94 1880 3666 5452 784CP2 93 7015 95 1881 3667 5453 784CP2 96 7020 96 1882 5668 5454 784CP2 97 7020 97 1883 3669 5454 784CP2 97 7020 98 1884 3670 5456 784CP2 98 7021 99 1885 3671 5457 784CP2 98 7023 100 1886 3672 5458 784CP2 99 7023 101 1887 3675 5457 784CP2 101 7028 102 1888 3674 5460 784CP2 101 7028 102 1888 3674 5460 784CP2 103 7031 103 1889 3675 5461 784CP2 103 7031 104 1890 3676 5462 784CP2 103 7031 105 1887 3678 5461 784CP2 107 7038 108 1891 3677 5461 784CP2 107 7038 109 1892 3678 5461 784CP2 107 7036 109 1893 3678 5464 784CP2 107 7036 109 1894 3600 5466 784CP2 107 7036 109 1895 3678 5464 784CP2 107 7036 109 1897 3678 5465 784CP2 107 7036 109 1897 3678 5465 784CP2 107 7036 109 1898 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1898 3678 5466 784CP2 107 7036 109 1898 3680 5466 784CP2 107 7036 109 1898 3680 5466 784CP2 107 7041 111 1897 3681 5468 784CP2 107 7041 111 1897 3681 5468 784CP2 107 7041 112 1898 3688 5470 784CP2 117 7946 113 1899 3688 5470 784CP2 117 7946 114 1900 3686 5470 784CP2 117 7946 115 1901 3687 5472 784CP2 118 7959 116 1902 3688 5472 784CP2 118 7959 117 1903 3688 5472 784CP2 118 7959 118 1904 3690 5476 784CP2 118 7197 119 1905 3689 5476 784CP2 118 7117 119 1905 3691 5478 784CP2 110 7123	93	. 1879				
95 1881 3667 5453 784CFP_96 7020 96 1882 3668 3454 784CFP_97 7020 97 1883 3668 5455 784CFP_98 7021 98 1884 3669 5455 784CFP_98 7021 98 1885 3661 5455 784CFP_98 7021 100 1885 3672 5456 784CFP_100 7027 1100 1886 3672 5456 784CFP_100 7027 1101 1887 3672 5458 784CFP_100 7027 1102 1888 3671 5457 784CFP_100 7027 1103 1889 3672 5458 784CFP_100 7027 1104 1890 3675 5465 784CFP_100 7025 1105 1891 3677 5465 784CFP_100 7021 1106 1892 3676 5462 784CFP_105 7031 1107 1893 3679 5463 784CFP_107 7036 1108 1894 3600 5466 784CFP_107 7036 1109 1895 3685 5468 784CFP_107 7036 1109 1895 3686 5468 784CFP_107 7036 1101 1896 3682 5468 784CFP_107 7036 1101 1896 3682 5468 784CFP_107 7036 1101 1896 3682 5468 784CFP_107 7046 1101 1897 3683 5469 784CFP_111 7046 1101 1898 3684 5470 784CFP_111 7046 1111 1897 3683 5469 784CFP_111 7056 1112 1898 3684 5470 784CFP_111 7056 1115 1891 3685 5471 784CFP_118 7057 1116 1898 3685 5471 784CFP_118 7058 1117 1503 3688 5471 784CFP_118 7058 1118 1904 3690 5476 784CFP_118 7058 1119 1503 3688 5476 784CFP_118 7058 1119 1503 3688 5476 784CFP_118 7058 1119 1505 3691 5477 784CFP_118 7058 1119 1505 3691 5477 784CFP_118 7058	94	1880				
97 1883 3668 5458 736CPF 98 7021 98 1884 3670 5456 786CPF 98 7021 99 1885 5671 5457 786CPF 100 7027 100 1886 5672 5459 786CPF 100 7027 101 1887 5672 5459 786CPF 101 7028 101 1887 5673 5459 786CPF 101 7028 102 1888 3674 5460 786CPF 101 7028 103 1889 3674 5460 786CPF 101 7028 104 1889 3675 5460 786CPF 101 7033 105 1889 3676 5460 786CPF 107 7033 106 1892 3676 5462 786CPF 107 7033 107 1893 3676 5462 786CPF 107 7033 108 1892 5678 5462 786CPF 107 7033 109 1894 5680 5466 786CPF 107 7036 109 1894 5680 5466 786CPF 107 7036 110 1895 3681 5467 786CPF 107 7046 111 1897 3683 5469 786CPF 117 7046 111 1897 3683 5469 786CPF 117 7056 112 1898 3684 5470 786CPF 117 7056 113 1898 3685 5470 786CPF 117 7056 115 115 100 3686 5470 786CPF 117 7056 115 115 100 3686 5470 786CPF 117 7051 117 1503 3685 5471 786CPF 117 7051 118 1904 3689 3685 5471 786CPF 117 7051 119 1905 3685 5477 786CPF 117 7051			3667	5453	784CIP2 96	
97 1883 3665 5455 784CF2_98 7021 98 1884 3670 5456 784CF2_98 7021 99 1885 3671 5457 784CF2_100 7027 100 1885 3671 5457 784CF2_100 7027 1010 1886 3672 5458 784CF2_101 7028 102 1886 3672 5458 784CF2_101 7028 103 1889 3675 5463 784CF2_101 7028 104 1890 3675 5463 784CF2_101 7031 105 1891 3677 5463 784CF2_103 7031 106 1892 3676 5462 744CF2_103 7031 107 1893 3679 5463 784CF2_103 7031 108 1894 3600 5465 784CF2_107 7035 109 1895 3685 5468 784CF2_107 7036 109 1895 3681 5468 784CF2_107 7031 110 1896 3682 5468 784CF2_107 7031 111 1897 3663 5469 784CF2_107 7034 112 1898 3684 5470 784CF2_11 7756 113 1898 3685 5470 784CF2_11 7756 115 190 3687 5477 784CF2_11 7756 116 1898 3685 5470 784CF2_11 7756 117 1898 3685 5471 784CF2_11 7756 118 190 3687 5472 784CF2_11 7758 119 1898 3685 5471 784CF2_11 7756 111 1897 3685 5471 784CF2_11 7758 112 1898 3685 5471 784CF2_11 7758 113 1898 3685 5471 784CF2_11 7758 115 190 3687 5472 784CF2_11 7758 116 190 3687 5472 784CF2_11 7758 117 1503 3688 5471 784CF2_11 7758 118 1904 3689 5474 784CF2_11 7758 119 1503 3688 5476 784CF2_11 7758 119 1503 3689 5476 784CF2_11 7758 119 1505 3691 5477 784CF2_10 7133		1882	3668	5454	784CIP2 97	
99 1885 3571 5457 784CIP2 J00 7027 100 1886 3572 5458 784CIP2 J01 7027 101 1887 5572 5458 784CIP2 J01 7028 101 1887 5573 5459 784CIP2 J01 7028 102 1888 3674 5460 784CIP2 J03 7031 103 1889 3675 5461 784CIP2 J03 7031 104 1890 3676 5462 784CIP2 J03 7031 105 1889 3676 5462 784CIP2 J03 7031 106 1851 3677 5463 784CIP2 J06 7032 107 108 1894 3676 5462 784CIP2 J07 7036 109 1895 3677 5463 784CIP2 J07 7036 109 1894 3560 5465 784CIP2 J07 7036 109 1895 3681 5467 784CIP2 J07 7746 110 1896 3682 5469 784CIP2 J17 7746 111 1897 3683 5469 784CIP2 J17 7756 112 1898 3684 5470 784CIP2 J17 7756 113 1898 3685 5471 784CIP2 J17 7756 114 1990 3686 5472 784CIP2 J17 7756 115 1990 3686 5472 784CIP2 J17 7756 116 1890 3685 5471 784CIP2 J17 7756 117 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 118 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 119 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 111 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 111 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 111 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 111 1900 3686 5472 784CIP2 J17 7756 111 1900 3687 5473 784CIP2 J17 7756 118 1904 3689 5477 784CIP2 J17 7756 119 1905 3691 5477 784CIP2 J17 7751					784CIP2_98	7021
100					784CIP2_99	7023
101						7027
102 1888 3674 5460 784CIPZ 103 7031 103 1889 3675 5461 784CIPZ 104 7032 104 1890 3676 5462 784CIPZ 105 7033 105 1891 3677 5463 784CIPZ 106 7033 105 1891 3677 5463 784CIPZ 107 7036 106 1892 3678 5464 784CIPZ 107 7036 107 1893 3679 5465 784CIPZ 107 7036 109 1894 3680 5466 784CIPZ 107 7036 109 1894 3680 5466 784CIPZ 107 7036 110 1895 3681 5467 784CIPZ 108 7039 111 1896 3682 5468 784CIPZ 111 7046 111 1898 3683 5468 784CIPZ 111 7046 112 1898 3683 5468 784CIPZ 111 7056 113 1899 3685 5470 784CIPZ 112 7059 115 1901 3687 5472 784CIPZ 113 7079 115 1901 3687 5473 784CIPZ 114 7079 115 1901 3688 5472 784CIPZ 117 7054 117 1503 3688 5474 784CIPZ 118 7107 117 1503 3688 5474 784CIPZ 118 7107 118 1904 3689 5475 784CIPZ 118 7107 118 1904 3689 5475 784CIPZ 118 7107 118 1904 3690 5476 784CIPZ 118 7111 119 1505 3691 5477 784CIPZ 118 7111					784CIP2_101	
103					784CIP2_102	
104					784CIP2_103	
105   1891   3677   5463   784CIPZ 106   7035     106   1892   3678   5464   784CIPZ 107   7035     107   1893   3679   5465   784CIPZ 107   7035     108   1894   3680   5465   784CIPZ 108   7035     109   1895   3681   5467   784CIPZ 100   7943     109   1895   3681   5467   784CIPZ 100   7944     110   1895   3681   5467   784CIPZ 110   7944     111   1897   3688   5469   784CIPZ 117   7746     112   1898   3684   5470   784CIPZ 117   7756     113   1899   3685   5470   784CIPZ 117   7795     114   1950   3686   5470   784CIPZ 117   7797     115   1961   3667   5473   786CIPZ 117   7795     116   1362   3688   5476   784CIPZ 118   7097     117   1903   3688   5476   784CIPZ 118   7107     118   1904   3690   5476   784CIPZ 118   7107     119   1905   3691   5476   784CIPZ 118   7117     119   1905   3691   5476   784CIPZ 100   7113     119   1905   3691   5477   784CIPZ 100   7113     119   1905   3691   5477   784CIPZ 100   7113     119   1905   3691   5477   784CIPZ 100   7113     120   1906   3692   5478   784CIPZ 110   7112					784CIP2_104	
106   1892   3678   5464   784CHP_107   7036     107   1893   3679   5466   784CHP_107   7036     108   1894   3680   5466   784CHP_108   7038     108   1894   3680   5466   784CHP_108   7038     109   1895   3681   5467   784CHP_109   7043     110   1895   3681   5468   784CHP_111   7046     111   1897   3683   5468   784CHP_111   7046     112   1898   3684   5470   784CHP_112   7054     113   1898   3684   5470   784CHP_112   7074     114   1897   3685   5471   784CHP_115   7032     115   1300   3686   5472   784CHP_115   7032     116   1303   3688   5478   784CHP_118   7037     117   1503   3688   5478   784CHP_118   7037     118   1394   3689   5476   784CHP_118   7017     119   1505   3691   5476   784CHP_118   7111     119   1505   3691   5477   784CHP_107   7112     119   1505   3691   5477   784CHP_107   7123     120   1396   3692   5478   784CHP_107   7123						
107						
108 1894 3680 5466 784CFP_109 7043 109 1895 3661 5467 784CFP_109 7043 110 1896 3682 5468 784CFP_110 7046 1111 1896 3682 5468 784CFP_111 7046 1112 1897 3683 5469 784CFP_112 7054 1113 1897 3683 5469 784CFP_112 7054 1114 1890 3684 5470 784CFP_113 7091 115 1901 3687 5471 784CFP_116 7057 115 1901 3687 5471 784CFP_116 7057 117 1503 3688 5476 784CFP_118 7107 118 1904 3689 5476 784CFP_118 7117 119 1503 3689 5476 784CFP_118 7117 119 1505 3691 5477 784CFP_118 7117 119 1505 3691 5477 784CFP_119 7111					784C1P2_107	
109					704CIP2_108	
110						
111         1897         3683         5469         784CHE2         132         7956           112         1898         3684         5470         786CHE2         133         7961           113         1899         3685         5471         786CHE2         114         7977           114         1950         3685         5471         786CHE2         115         7959           115         1961         3687         5472         786CHE2         116         7994           116         1502         3688         5474         786CHE2         117         7105           117         1303         3689         5475         786CHE2         118         7107           118         13904         3690         5476         786CHE2         119         7111           119         1505         3691         5477         786CHE2         120         7123           120         13966         3692         5478         784CHE2         121         7112						
112   1898   3684   5470   784CIP2   113   7954   113   1859   3685   5471   784CIP2   114   7977   114   1900   3686   5472   784CIP2   115   7052   115   1350   3687   5473   784CIP2   116   7054   116   1502   3688   5474   784CIP2   116   71054   117   1903   3689   5475   784CIP2   118   7107   118   1904   3689   5475   784CIP2   118   7107   118   1904   3690   5476   784CIP2   119   7111   119   1905   3691   5477   784CIP2   120   7123   120   1906   3692   5478   784CIP2   120   7123   120   1906   3692   5478   784CIP2   121   7142   120   1906   3692   5478   784CIP2   121   7142   120	111					
113 1899 3688 5471 784CFP 114 7977 114 19500 3686 5472 784CFP 115 7092 115 1961 3687 5472 784CFP 115 7092 116 1962 3688 5474 784CFP 116 7094 117 1903 3688 5474 784CFP 117 7106 118 1964 3690 5476 784CFP 118 7107 118 1964 3690 5476 784CFP 119 7111 119 1905 3691 5477 784CFP 120 7123 120 1966 3592 5478 784CFP 120 7123	112					
114   1900   3686   5472   784CIP2   115   7092   115   1901   3687   5473   784CIP2   116   7092   116   1901   3687   5473   784CIP2   116   7093   116   1303   3688   5474   784CIP2   117   7106   117   1303   3689   5475   784CIP2   118   7107   118   1904   3680   5476   784CIP2   119   7111   119   1905   3691   5477   784CIP2   120   7123   120   1906   3682   5478   784CIP2   121   7142   120   1906   3682   5478   784CIP2   121   7142   120   1306   3682   5478   784CIP2   121   7142   1306	11.3	1899				
115         1961         3687         5473         788CDP2_116         7094           116         1502         3688         5474         786CDP2_117         7106           117         1503         3689         5475         786CDP2_118         7107           118         1904         3690         5476         786CDP2_118         7117           119         1505         3691         5477         796CDP2_120         7123           120         1906         3592         5478         784CDP2_171         7142	114	1900			784CIP2 115	
116   1502   3688   5474   784CIPZ_117   7106   117   1303   3689   5475   784CIPZ_118   7107   118   1904   3690   5476   784CIPZ_119   7111   119   1505   3691   5477   784CIPZ_100   7123   120   1306   3652   5478   784CIPZ_107   7142			3687			
117 1903 5688 5475 784CFP_118 7107 118 1904 5690 5476 784CFP_118 7101 119 1905 5691 5477 784CFP_110 7111 120 1905 5691 5477 784CFP_120 7123 120 1906 5592 5478 784CFP_121 7142					784CIP2 117	
118 1904 3690 5476 784CIP2_119 7111 119 1905 3691 5477 784CIP2_120 7123 120 1906 3692 5478 784CIP2_121 7142						
119 1905 3691 5477 784CIP2_120 7123 120 1906 3692 5478 784CIP2_121 7142					784CIP2 119	7111
120 1906 3692 5478 784CIP2 121 7142					784CIP2_120	7123
121 1907 3693 5479 784CIP2_122 7142					784CIP2_121	
	121	1907	3693	5479	784CTP2_122	7142

of full-mucleotide acquence sequence se	SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEO ID
Length   Requence		NO: of	of contig			
nucleotide acquence sequence s	length			of contig		
	nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	
122   1918   3694   5460   784CIPF_113   7154     123   1919   3695   5461   784CIPF_124   7160     124   1910   3696   5462   784CIPF_125   7165     125   1911   3697   5483   784CIPF_127   7185     126   1912   3698   5464   784CIPF_127   7185     126   1912   3698   5464   784CIPF_127   7187     127   1913   3699   5465   784CIPF_127   77197     128   1914   3700   5466   784CIPF_127   7219     128   1914   3700   5466   784CIPF_127   7219     128   1914   3701   5467   784CIPF_127   7226     129   1916   3701   5467   784CIPF_127   7226     131   1917   3703   5467   784CIPF_127   7227     131   1917   3703   5467   784CIPF_127   7227     132   1918   3764   5497   784CIPF_127   7228     133   1919   3765   5491   784CIPF_127   7228     134   1920   3766   5492   784CIPF_127   7262     135   1921   3767   5493   784CIPF_127   7262     135   1921   3767   5493   784CIPF_127   7262     136   1922   3768   5494   784CIPF_127   7262     137   1923   3769   5495   784CIPF_127   7262     138   1924   3710   5496   784CIPF_127   7262     139   1928   3711   5497   784CIPF_127   7272     140   1926   3711   5497   784CIPF_127   7273     141   1920   3768   5494   784CIPF_127   7272     142   1928   3711   5497   784CIPF_127   7272     143   1928   3712   5496   784CIPF_127   7272     144   1920   3766   5500   784CIPF_127   7272     145   1931   3717   5503   784CIPF_127   7272     146   1932   3718   5500   784CIPF_127   7273     146   1932   3718   5500   784CIPF_127   7273     147   1933   3719   5506   784CIPF_127   7273     148   1931   3717   5503   784CIPF_127   7273     149   1935   3721   5507   784CIPF_127   7300     140   1936   3722   5506   784CIPF_127   7300     141   1931   3723   5507   784CIPF_127   7300     145   1931   3727   5531   784CIPF_127   7300     146   1932   3718   5507   784CIPF_127   7300     146   1932   3718   5507   784CIPF_127   7300     146   1934   3727   5531   784CIPF_127   7300     155   1941   3727   5531   784CIPF_127   7700     156   1942   3738   5531   784CIPF_127   77	sequence	peptide	-	sequence	priority	
133				-	application	
124		1908	3694	5480	784CIP2 123	7154
1244   1910   3696   5482   794CIPP_125   7165   125   1911   3697   5483   794CIPP_127   7185   126   1912   3698   3484   794CIPP_127   7187   127   1913   3699   5485   794CIPP_127   7197   128   1914   3700   5486   794CIPP_128   7219   128   1915   3970   5486   794CIPP_128   7219   129   1915   3970   5486   794CIPP_129   7226   129   1915   3970   5486   794CIPP_129   7226   129   1915   3970   5486   794CIPP_121   7226   129   1916   3970   5488   794CIPP_131   7224   121   1917   3970   5488   794CIPP_131   7224   121   1918   3970   5488   794CIPP_131   7224   121   1919   3970   5488   794CIPP_134   7238   121   1920   3767   5493   794CIPP_136   7226   121   135   1921   3767   5493   784CIPP_136   7226   121   136   1922   3768   5494   794CIPP_136   7226   121   137   1923   3769   5495   794CIPP_136   7226   121   138   1924   3710   5496   794CIPP_136   7226   121   139   3973   5496   794CIPP_136   7227   121   122   3711   5497   794CIPP_136   7227   122   139   3973   5496   794CIPP_136   7227   123   139   1925   3711   5497   794CIPP_147   7227   124   1393   3713   5499   794CIPP_147   7227   124   1393   3713   5490   794CIPP_147   7227   125   1394   3712   5500   794CIPP_147   7227   126   1394   3712   5500   794CIPP_148   7227   127   1394   3713   5500   794CIPP_148   7227   128   1394   3712   5500   794CIPP_148   7227   129   139   139   139   139   139   139   139   139   120   139	123	1909	3695	5481		7160
1215	124	1910	3696	5482	784CIP2 125	
127 1913 5699 5485 784CTP_128 7219 128 1914 1915 3701 5487 784CTP_129 7226 129 1915 3701 5487 784CTP_130 7229 1319 1915 3701 5487 784CTP_130 7229 1319 1918 3702 5488 784CTP_131 7234 1311 1918 3703 5486 784CTP_131 7234 1311 1918 3703 5486 784CTP_131 7234 1311 1919 3705 5492 784CTP_131 7235 1314 1920 3706 5492 784CTP_131 7235 1315 1921 3707 5493 784CTP_131 7236 1316 1922 3708 5491 784CTP_131 7262 1315 1921 3707 5493 784CTP_131 7262 1316 1922 3708 5494 784CTP_131 7262 1316 1922 3708 5494 784CTP_131 7262 1317 1923 3709 5495 784CTP_131 7262 1318 1924 3710 5496 784CTP_131 7262 1319 1928 3711 5496 784CTP_131 7272 1319 1929 3711 5496 784CTP_131 7272 1319 1929 3711 5497 784CTP_131 7272 1310 1929 3711 5496 784CTP_131 7293 1341 1929 3712 5497 784CTP_141 7293 1341 1929 3715 5501 784CTP_141 7293 1342 1928 3716 5502 784CTP_141 7293 1343 1929 3716 5502 784CTP_141 7293 1344 1930 3716 5502 784CTP_141 7293 1346 1931 3717 5503 784CTP_146 7293 1347 1933 3739 5505 784CTP_146 7293 1348 1331 3717 5503 784CTP_147 7300 1348 1331 3717 5503 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1351 1399 3725 5506 784CTP_147 7300 1361 1397 3728 5506 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5505 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7750 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3722 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3738 5507 784CTP_1	125	1911	3697	5483	784CIP2 126	
127 1913 5699 5485 784CTP_128 7219 128 1914 1915 3701 5487 784CTP_129 7226 129 1915 3701 5487 784CTP_130 7229 1319 1915 3701 5487 784CTP_130 7229 1319 1918 3702 5488 784CTP_131 7234 1311 1918 3703 5486 784CTP_131 7234 1311 1918 3703 5486 784CTP_131 7234 1311 1919 3705 5492 784CTP_131 7235 1314 1920 3706 5492 784CTP_131 7235 1315 1921 3707 5493 784CTP_131 7236 1316 1922 3708 5491 784CTP_131 7262 1315 1921 3707 5493 784CTP_131 7262 1316 1922 3708 5494 784CTP_131 7262 1316 1922 3708 5494 784CTP_131 7262 1317 1923 3709 5495 784CTP_131 7262 1318 1924 3710 5496 784CTP_131 7262 1319 1928 3711 5496 784CTP_131 7272 1319 1929 3711 5496 784CTP_131 7272 1319 1929 3711 5497 784CTP_131 7272 1310 1929 3711 5496 784CTP_131 7293 1341 1929 3712 5497 784CTP_141 7293 1341 1929 3715 5501 784CTP_141 7293 1342 1928 3716 5502 784CTP_141 7293 1343 1929 3716 5502 784CTP_141 7293 1344 1930 3716 5502 784CTP_141 7293 1346 1931 3717 5503 784CTP_146 7293 1347 1933 3739 5505 784CTP_146 7293 1348 1331 3717 5503 784CTP_147 7300 1348 1331 3717 5503 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1348 1331 3720 5506 784CTP_147 7300 1351 1399 3725 5506 784CTP_147 7300 1361 1397 3728 5506 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5505 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7300 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7750 1361 1397 3738 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3722 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3725 5507 784CTP_147 7750 1371 1398 3738 5507 784CTP_1	126	1912	3698		784CIP2 127	
128	127			5485	784CTP2 128	
139	128					
1310						
131						
1312	131					
133   1919   3705   5491   746CTP_134   7238     134   1920   3706   5492   786CTP_135   7247     135   1921   3707   5493   786CTP_135   7247     135   1921   3707   5493   786CTP_136   7261     136   1922   3708   5494   786CTP_137   7262     137   1923   3709   5495   786CTP_137   7262     137   1923   3709   5495   786CTP_137   7262     138   1924   3710   5497   786CTP_137   7262     139   1928   3711   5497   786CTP_137   7272     139   1928   3711   5497   786CTP_140   7273     140   1398   3712   5496   786CTP_140   7273     141   1398   3713   5496   786CTP_140   7283     142   1398   3713   5496   786CTP_140   7283     143   1329   3718   5496   786CTP_140   7293     144   13930   3716   5502   786CTP_147   7293     145   1391   3717   5593   786CTP_146   7229     146   1391   3718   5504   786CTP_147   7393     146   1392   3718   5504   786CTP_147   7390     147   1933   3719   5505   786CTP_147   7300     149   1393   3719   5506   786CTP_147   7311     149   1393   3712   5508   786CTP_147   7311     149   1393   3721   5507   786CTP_147   7311     150   1396   3722   5508   786CTP_147   7311     151   1393   3723   5507   786CTP_155   7311     152   1394   3723   5508   786CTP_155   7311     153   1391   3724   5510   786CTP_155   7311     154   1394   3723   5508   786CTP_155   7311     155   1941   3727   5513   786CTP_156   7315     156   1394   3728   5514   786CTP_157   87735     157   1343   3729   5515   786CTP_167   7315     158   1344   3729   5514   786CTP_157   87735     159   1345   3731   5517   786CTP_167   7315     156   1346   3731   5517   786CTP_167   7315     157   1343   3729   5515   786CTP_167   7315     158   1344   3729   5515   786CTP_157   7352     159   1345   3731   5517   786CTP_167   7315     159   1346   3731   5527   786CT					704CTD2 132	
134   1320   3766   5492   784CIP_135   7247   135   1321   3767   5493   784CIP_135   7261   136   1392   3768   5494   784CIP_137   7262   136   1392   3768   5494   784CIP_137   7262   137   1393   3769   5495   784CIP_137   7262   138   1392   3710   5496   784CIP_138   7267   139   1392   3711   5496   784CIP_139   7272   1319   1392   3711   5496   784CIP_139   7272   1319   1392   3711   5496   784CIP_139   7272   1310   1392   3711   5497   784CIP_130   7273   1311   1392   3713   5497   784CIP_131   7798   1312   1392   3713   5497   784CIP_140   7273   1314   1392   3718   5500   784CIP_141   7293   134   1392   3718   5500   784CIP_141   7293   134   1390   3716   3502   784CIP_146   7293   134   1391   3717   5503   784CIP_146   7293   134   1393   3718   5505   784CIP_146   7293   134   1393   3718   5505   784CIP_146   7293   134   1393   3718   5506   784CIP_146   7293   134   1393   3712   5506   784CIP_146   7313   135   1393   3720   5506   784CIP_146   7313   136   1393   3722   5506   784CIP_147   7300   1318   1393   3722   5506   784CIP_147   7311   1319   1310   1317   7322   5506   784CIP_147   7311   1310   1318   3722   5506   784CIP_147   7311   1311   1317   3722   5508   784CIP_147   7311   1312   1318   3726   5510   784CIP_157   7313   1319   1319   3725   5511   784CIP_157   7313   1310   1317   3728   5511   784CIP_157   7327   1311   1311   1377   5731   574CIP_157   7327   1312   1313   1319   3728   5511   784CIP_157   7327   1313   1314   3729   5511   784CIP_157   7327   1316   1340   3728   5511   784CIP_157   7327   1317   1318   3740   3728   5511   784CIP_157   7327   1319   1310   3738   5517   784CIP_157   7327   1310   3748   3748   5514   784CIP_157   7327   1311   3740   3738   5517   784CIP_157   7377   1312   3740   3733   5519   784CIP_157   7377   1313   3740   3735   5517   784CIP_157   7757   1314   3740   3733   5519   784CIP_157   7757   1315   3741   3757   3758   5514   784CIP_157   7757   1316   3741   3759   3758   5758   784CIP_157   7757   1317   37						
135   1921   3707   5493   746CIP2 135   7261   136   1922   3708   5494   746CIP2 137   7262   137   1923   3708   5495   784CIP2 138   7267   138   1924   3710   5496   784CIP2 138   7267   139   1928   3711   5497   784CIP2 139   7272   139   1928   3711   5497   784CIP2 130   7273   139   1928   3711   5497   784CIP2 140   7273   140   1926   3712   5498   784CIP2 140   7273   141   1927   3713   5499   784CIP2 140   7282   141   1927   3713   5499   784CIP2 140   7283   142   1393   3714   5500   784CIP2 140   7293   143   1393   3714   5500   784CIP2 140   7293   144   13930   3714   5500   784CIP2 140   7293   146   13912   3718   5504   784CIP2 140   7293   146   13912   3718   5504   784CIP2 140   7293   147   1933   3719   5505   784CIP2 140   7239   148   1394   3720   5506   784CIP2 140   7313   149   1395   3712   5507   784CIP2 140   7313   149   1395   3721   5507   784CIP2 140   7313   150   1396   3722   5508   784CIP2 140   7313   151   1337   3723   5509   784CIP2 140   7313   152   1338   3724   5500   784CIP2 140   7315   152   1338   3724   5509   784CIP2 140   7315   153   134   1390   3728   5509   784CIP2 140   7315   154   1391   3729   5515   784CIP2 140   7315   155   1943   3729   5515   784CIP2 140   7315   156   1943   3729   5516   784CIP2 140   7315   157   1943   3729   5513   784CIP2 147   7352   158   1944   3730   5514   784CIP2 147   7352   159   1345   3731   5517   784CIP2 140   7315   159   1345   3731   5517   784CIP2 140   7315   159   1345   3731   5517   784CIP2 140   7315   159   1346   3732   5518   784CIP2 140   7315   159   1347   3733   5519   784CIP2 140   7315   159   1348   3734   5520   784CIP2 140   7411   161   1347   3733   5519   784CIP2 140   7411   162   1348   3736   5531   784CIP2 140   7411   163   1349   3735   5531   784CIP2 140   7411   164   1357   3743   5520   784CIP2 140   7411   165   1349   3735   5531   784CIP2 140   7411   166   1354   3746   5526   784CIP2 140   7531   170   1356   3745   5531   784CIP2 140   7531   171   1357   3743						
136						
137 1923 3769 5495 784CTP2 138 7267 1319 1924 3710 5496 784CTP2 139 7272 1319 1925 3711 5497 784CTP2 139 7272 1319 1925 3711 5497 784CTP2 130 7273 1340 1926 3712 5498 784CTP2 141 7282 1440 13926 3712 5498 784CTP2 141 7282 1441 13936 3713 5499 784CTP2 141 7282 1442 13936 3716 5502 784CTP2 141 7793 1444 13930 3716 5502 784CTP2 141 7793 1446 13930 3716 5502 784CTP2 145 7299 1446 13932 3718 5501 784CTP2 145 7299 1446 13932 3718 5504 784CTP2 146 7293 1446 13932 3718 5504 784CTP2 147 7300 1446 13932 3718 5504 784CTP2 147 7300 1447 1393 3719 5505 784CTP2 147 7300 1448 1394 3720 5506 784CTP2 147 7300 145 1394 3720 5506 784CTP2 147 7311 149 13936 3721 5507 784CTP2 140 7313 149 13936 3722 5508 784CTP2 147 7311 149 13937 3723 5508 784CTP2 147 7300 1510 13946 3722 5508 784CTP2 147 7300 1511 1337 3723 5508 784CTP2 147 7300 1511 1337 3723 5508 784CTP2 147 7300 1512 1337 3723 5508 784CTP2 147 7300 1513 1331 3724 5510 784CTP2 147 7300 1514 1393 3729 5513 784CTP2 157 7321 158 1394 3729 5513 784CTP2 157 7321 159 1394 3729 5513 784CTP2 157 7321 159 1394 3729 5514 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5514 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5514 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5514 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1394 3729 5516 784CTP2 157 7335 159 1395 3736 5520 784CTP2 157 7335 159 1395 3736 5520 784CTP2 157 7335 159 1395 3736 5520 784CTP2 157 7335 159 1395 3734 5520 784CTP2 157 7335 159 1395 3734 5520 784CTP2 157 7336 160 1395 3734 5520 784CTP2 157 7336 160 1395 3734 5520 784CTP2 157 7336 160 1395 3734 5520 784CTP2 157 7336 160 1395 3734 5520 784CTP2 157 7336 160 1395 3734 5520 784CTP2 157 7					784C1P2_136	
138					704CIP2_137	
139					784CIP2_138	
140						
141 1927 3713 8499 784CIP2 142 7288 142 142 1928 3714 8500 784CIP2 143 7291 143 1929 3715 8500 784CIP2 144 7293 144 13930 3715 8500 784CIP2 144 7293 144 144 1450 1450 1450 1450 1450 1450 1						
143 1329 3716 5501 784CIP2_144 7293 1445 13510 3716 5502 784CIP2_145 7294 1445 13510 3716 5502 784CIP2_145 7294 1445 13510 3716 5502 784CIP2_146 7299 1445 13510 3717 5503 784CIP2_146 7299 1446 13514 3720 5505 784CIP2_146 7711 1440 13514 3720 5505 784CIP2_148 7711 1440 13514 3720 5505 784CIP2_148 7711 1450 13516 3722 5508 784CIP2_148 7711 150 13516 3722 5508 784CIP2_151 7711 151 1351 3721 5509 784CIP2_151 7711 152 1358 3722 5508 784CIP2_151 7711 153 1358 3724 5510 784CIP2_151 77316 154 1340 3726 5511 784CIP2_151 7731 155 1351 3751 5511 784CIP2_151 7731 156 1351 3772 5511 784CIP2_151 7731 157 1371 3772 5511 784CIP2_151 7731 158 1341 3772 5513 784CIP2_151 7731 159 1345 3772 5513 784CIP2_151 7731 159 1345 3730 5513 784CIP2_151 7743 159 1346 3731 5517 784CIP2_161 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_161 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_162 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_162 7743 162 1348 3736 5520 784CIP2_162 7743 163 1349 3735 5521 784CIP2_162 7743 164 1350 3736 5520 784CIP2_162 7743 165 1358 3736 5520 784CIP2_162 7753 166 1354 3736 5520 784CIP2_162 7753 167 1358 3741 5520 784CIP2_167 7750 168 1358 3746 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1357 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1357 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1358 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506					784CIP2_141	
143 1329 3716 5501 784CIP2_144 7293 1445 13510 3716 5502 784CIP2_145 7294 1445 13510 3716 5502 784CIP2_145 7294 1445 13510 3716 5502 784CIP2_146 7299 1445 13510 3717 5503 784CIP2_146 7299 1446 13514 3720 5505 784CIP2_146 7711 1440 13514 3720 5505 784CIP2_148 7711 1440 13514 3720 5505 784CIP2_148 7711 1450 13516 3722 5508 784CIP2_148 7711 150 13516 3722 5508 784CIP2_151 7711 151 1351 3721 5509 784CIP2_151 7711 152 1358 3722 5508 784CIP2_151 7711 153 1358 3724 5510 784CIP2_151 77316 154 1340 3726 5511 784CIP2_151 7731 155 1351 3751 5511 784CIP2_151 7731 156 1351 3772 5511 784CIP2_151 7731 157 1371 3772 5511 784CIP2_151 7731 158 1341 3772 5513 784CIP2_151 7731 159 1345 3772 5513 784CIP2_151 7731 159 1345 3730 5513 784CIP2_151 7743 159 1346 3731 5517 784CIP2_161 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_161 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_162 7743 161 1347 3733 5519 784CIP2_162 7743 162 1348 3736 5520 784CIP2_162 7743 163 1349 3735 5521 784CIP2_162 7743 164 1350 3736 5520 784CIP2_162 7743 165 1358 3736 5520 784CIP2_162 7753 166 1354 3736 5520 784CIP2_162 7753 167 1358 3741 5520 784CIP2_167 7750 168 1358 3746 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7750 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3742 5520 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_167 7501 170 1356 3744 5530 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1357 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1357 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1358 3745 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506 170 1356 3751 5531 784CIP2_177 7506					784CIP2_142	
144 3930 3716 5502 784CIP2_145 7294 145 1331 3717 5503 784CIP2_146 7293 146 1332 3718 5504 784CIP2_147 7300 146 1332 3718 5504 784CIP2_147 7300 147 1393 3719 5505 784CIP2_147 7300 148 1333 3719 5505 784CIP2_147 7311 148 1333 3720 5506 784CIP2_147 7313 149 139 3720 5506 784CIP2_147 7313 149 139 3720 5506 784CIP2_147 7313 149 139 3720 5506 784CIP2_147 7313 151 1397 3723 5509 784CIP2_137 7313 152 1398 3722 5501 784CIP2_137 7323 153 1399 3725 5511 784CIP2_137 7333 154 1390 3726 5512 784CIP2_137 7331 155 1391 3727 5513 784CIP2_137 7332 155 1391 3727 5513 784CIP2_157 7332 155 1391 3729 5515 784CIP2_157 7332 157 1393 3729 5514 784CIP2_157 7332 157 1393 3729 5514 784CIP2_167 7352 157 1393 3729 5514 784CIP2_167 7352 157 1393 3729 5515 784CIP2_167 7352 157 1393 3729 5515 784CIP2_167 7352 156 1394 3730 5516 784CIP2_167 7352 157 1393 3729 5516 784CIP2_167 7352 156 1394 3730 5516 784CIP2_167 7352 157 1393 3735 5516 784CIP2_167 7431 158 1394 3730 5516 784CIP2_167 7431 159 1395 3735 5517 784CIP2_167 7431 160 1396 3735 5517 784CIP2_167 7431 161 1397 3735 5518 784CIP2_167 7431 162 1396 3746 5520 784CIP2_167 7431 163 1396 3746 5520 784CIP2_167 7511 164 1390 3735 5527 784CIP2_167 7511 165 1391 3737 5523 784CIP2_167 7511 166 1395 3738 5524 784CIP2_167 7511 167 1393 3739 5525 784CIP2_167 7511 168 1396 3746 5520 784CIP2_167 7511 170 1396 3746 5520 784CIP2_167 7511 171 1397 3743 5531 784CIP2_167 7511 172 1358 3744 5520 784CIP2_167 7511 174 1397 3745 5521 784CIP2_167 7511 175 1398 3745 5521 784CIP2_167 7511 176 1396 3746 5522 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_167 7511 177 1398 3745 5531 784CIP2_167 7511 177 1398 3745 5531 784CIP2_167 7511 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 7570 177 1398 3745 5531 784CIP2_177 75					784CIP2_143	
146 1931 3717 5503 784CTE2_146 7239 146 1932 3718 5504 784CTE2_147 7300 147 1933 3719 5505 784CTE2_148 7312 148 1934 3720 5506 784CTE2_148 7312 149 1935 3721 5507 784CTE2_148 7312 149 1935 3721 5507 784CTE2_160 7315 150 1936 3722 5508 784CTE2_160 7315 151 1937 3723 5509 784CTE2_150 7315 151 1937 3725 5501 784CTE2_151 7314 152 1938 3724 5510 784CTE2_152 7322 1512 1938 3724 5510 784CTE2_152 7322 1513 1939 3725 5511 784CTE2_156 7333 153 1939 3725 5511 784CTE2_156 7333 154 1940 3726 5512 784CTE2_156 7333 155 1941 3777 5513 784CTE2_156 7353 156 1940 3775 5513 784CTE2_156 7353 157 1943 3779 5513 784CTE2_156 7353 158 1944 3730 5516 784CTE2_156 7353 158 1944 3730 5516 784CTE2_157 7343 159 1945 3731 5517 784CTE2_157 7343 156 1946 3732 5518 784CTE2_157 7343 156 1946 3732 5519 784CTE2_157 7473 156 1946 3733 5519 784CTE2_157 7473 156 1948 3734 5520 784CTE2_167 7431 161 1957 3733 5519 784CTE2_167 7431 162 1948 3734 5520 784CTE2_167 7431 163 1949 3735 5521 784CTE2_167 7473 164 1950 3736 5522 784CTE2_167 7471 165 1951 3737 5523 784CTE2_167 7571 166 1952 3738 5524 784CTE2_167 7571 167 1953 3739 5525 784CTE2_167 7571 168 1954 3734 5520 784CTE2_167 7571 169 1955 3738 5524 784CTE2_167 7571 169 1955 3738 5524 784CTE2_167 7571 169 1955 3738 5524 784CTE2_167 7571 169 1955 3738 5524 784CTE2_167 7571 170 1956 3744 5526 784CTE2_167 7571 171 1953 3744 5526 784CTE2_167 7571 172 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 173 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 174 1356 3744 5526 784CTE2_177 7570 175 1351 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1351 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1351 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1351 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_177 7570 175 1357 3747 5523 784CTE2_1					784CIP2_144	
146						
144						
149 1395 3721 5507 784CTP2 160 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 161 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 151 7318 151 1397 3723 5509 784CTP2 152 7322 1512 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7323 5509 784CTP2 152 7322 1515 152 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7330 1515 152 1394 13726 5512 784CTP2 154 7331 155 1394 1372 5512 784CTP2 155 7333 7350 7351 784CTP2 157 7350 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351					784CIP2_147	
149 1395 3721 5507 784CTP2 160 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 161 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 151 7318 151 1397 3723 5509 784CTP2 152 7322 1512 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7323 5509 784CTP2 152 7322 1515 152 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7330 1515 152 1394 13726 5512 784CTP2 154 7331 155 1394 1372 5512 784CTP2 155 7333 7350 7351 784CTP2 157 7350 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351					784CIP2_148	7312
149 1395 3721 5507 784CTP2 160 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 161 7315 150 1396 3722 5508 784CTP2 151 7318 151 1397 3723 5509 784CTP2 152 7322 1512 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7323 5509 784CTP2 152 7322 1515 152 13938 3724 5510 784CTP2 153 7330 7330 1515 152 1394 13726 5512 784CTP2 154 7331 155 1394 1372 5512 784CTP2 155 7333 7350 7351 784CTP2 157 7350 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351 7351					784CIP2_149	7313
151					784CIP2_150	7315
152						7318
153						7321
154				5510	784CIP2 153	7330
154 1940 3726 5512 784CIP2_155 7333 155 1941 37727 5513 784CIP2_155 7333 156 1942 37728 5514 784CIP2_157 7352 156 1942 37728 5514 784CIP2_157 7352 156 1942 37728 5514 784CIP2_157 7352 157 1942 37728 5514 784CIP2_157 7352 158 1944 3773 5515 784CIP2_157 7451 159 1945 3773 5517 784CIP2_167 7451 160 1946 3773 5518 784CIP2_167 7451 161 1947 3733 5519 784CIP2_167 7451 162 1948 3734 5510 784CIP2_167 7451 163 1949 3735 5510 784CIP2_167 7471 164 1950 3776 5522 784CIP2_167 7471 165 1951 3777 5523 784CIP2_167 7511 166 1951 3777 5523 784CIP2_167 7511 167 1956 3742 5526 784CIP2_167 7511 168 1951 3777 5523 784CIP2_167 7511 170 1956 3742 5526 784CIP2_167 7511 171 1957 3743 5529 784CIP2_177 7570 172 1958 3744 5530 784CIP2_177 7570 174 1950 3745 5521 784CIP2_177 7570 174 1956 3742 5528 784CIP2_177 7570 174 1956 3742 5528 784CIP2_177 7571 174 1956 3745 5521 784CIP2_177 7570 175 1958 3744 5530 784CIP2_177 7570 174 1950 3745 5531 784CIP2_177 7501 175 1958 3745 5531 784CIP2_177 7501 176 1958 3745 5531 784CIP2_177 7501 177 1958 3745 5531 784CIP2_177 7506 177 1956 3757 5531 784CIP2_177 7506 177 1956 3757 5531 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5531 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5531 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5531 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5531 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5537 784CIP2_177 7506 177 1965 3751 5531 784CIP2_177 7506 181 1957 3753 5531 784CIP2_177 7506 181 1957 3753 5531 784CIP2_177 7506 181 1957 3753 5531 784CIP2_177 7506 181 1957 3753 5531 784CIP2_177 7506	153	1939	3725	5511	784CIP2 154	7331
155   1941   3727   5513   784CTP2   156   73550     156   1342   3728   5514   784CTP2   157   7352     157   1343   3729   5515   784CTP2   157   7352     158   1344   3730   5515   784CTP2   158   7384     159   1345   3731   5517   784CTP2   157   7463     159   1345   3731   5517   784CTP2   158   7463     159   1345   3731   5517   784CTP2   160   7431     150   1346   3733   5518   784CTP2   161   7441     151   151   151   151   151   151   151     151   151   151   151   151   151   151     151   151   151   151   151   151   151     152   1518   3734   5510   784CTP2   151   7471     151   151   151   151   151   151   151     152   1518   3734   5520   784CTP2   158   7473     154   1550   3736   5522   784CTP2   168   7473     156   1551   3737   5523   784CTP2   167   7511     166   1552   3738   5524   784CTP2   167   7511     167   1518   3740   5526   784CTP2   167   7511     168   1594   3740   5526   784CTP2   168   7520     169   1558   3741   5527   784CTP2   177   7570     170   1556   3742   5528   784CTP2   177   7570     172   1358   3744   5520   784CTP2   178   7501     173   1350   3745   5531   784CTP2   178   7501     174   1563   3746   5531   784CTP2   178   7501     175   1360   3745   5531   784CTP2   178   7501     177   1563   3746   5531   784CTP2   178   7501     179   1568   3751   5536   784CTP2   178   7501     179   1568   3751   5536   784CTP2   178   7501     179   1568   3751   5536   784CTP2   179   7576     180   1566   3752   5536   784CTP2   179   7515     180   1566   3752   5536   784CTP2   179   7515     181   1567   3753   5530   784CTP2   101   7544     181   1567   3755   5550   784CTP2   101   7544     181   1567   3755   5550   784CTP2   101   7544	154	1940	3726	5512	784CIP2 155	7333
156	155	1941	3727	5513	784CIP2 156	7350
158	156	1942	3728	5514		7352
159	157	1943	3729	5515	784CIP2 158	7384
159	158	1944	3730	5516	784CIP2 159	7403
160 1946 3732 5518 784CIP2_161 7441 161 1947 3733 5519 784CIP2_162 7453 162 1948 3734 5520 784CIP2_162 7453 163 1949 3735 5520 784CIP2_162 7453 164 1950 3736 5521 784CIP2_164 7471 164 1950 3736 5522 784CIP2_164 7471 165 1951 3737 5523 784CIP2_164 7521 166 1952 3738 5524 784CIP2_167 7521 166 1952 3738 5524 784CIP2_167 7511 167 1953 3739 5525 784CIP2_167 7511 169 1954 3740 5526 784CIP2_167 7520 197 197 197 197 197 197 197 197 197 197	159	1945	3 731			
161	160	1946		5518	784CIP2 161	7441
162	161	1947	3733	5519		
163 1949 3735 5521 784CTP2_164 7471 164 1950 3736 5522 784CTP2_165 7493 165 1951 3737 5522 784CTP2_165 7562 165 1951 3737 5523 784CTP2_166 7562 166 1952 3738 5524 784CTP2_167 7511 167 1953 3739 5525 784CTP2_167 7511 169 1955 3741 5527 784CTP2_167 7514 170 1956 3742 5526 784CTP2_167 7524 170 1956 3742 5526 784CTP2_167 7542 171 1957 3743 5529 784CTP2_170 7541 172 1958 3744 5527 784CTP2_170 7541 173 1959 3745 5520 784CTP2_172 7578 174 1957 3743 5529 784CTP2_172 7578 175 1961 3747 5530 784CTP2_173 7590 176 1956 3742 5530 784CTP2_173 7590 177 1963 3749 5530 784CTP2_177 7508 178 1961 3747 5530 784CTP2_177 7508 179 1963 3749 5534 784CTP2_177 7508 179 1965 3751 5536 784CTP2_177 7508 179 1965 3751 5537 784CTP2_177 7508 179 1965 3751 5537 784CTP2_177 7508 179 1965 3751 5537 784CTP2_177 7508 180 1964 3755 5536 784CTP2_177 7508 181 1957 3753 5539 784CTP2_177 7508	162	1948	3734			
164 1950 3736 5522 784CIP2 165 7493 165 1951 3737 5523 784CIP2 165 7502 166 1952 3738 5524 784CIP2 165 7502 166 1952 3738 5524 784CIP2 167 7511 167 1953 3738 5525 784CIP2 167 7511 168 1354 3740 5526 784CIP2 169 7514 169 1955 3741 5527 784CIP2 169 7520 169 1955 3741 5527 784CIP2 169 7520 170 1956 3742 5526 784CIP2 170 7541 171 1357 3743 5526 784CIP2 171 7370 172 1358 3744 5520 784CIP2 171 7370 172 1358 3744 5520 784CIP2 171 7370 172 1358 3744 5520 784CIP2 171 7370 172 1358 3744 5520 784CIP2 171 7370 172 1351 3743 5520 784CIP2 171 7370 172 172 172 172 172 172 172 172 172 172	163	1949	3735	5521	784CIP2 164	
165         1951         3737         5523         784CTP2_166         75C2           166         1952         3738         5524         784CTP2_167         7511           167         1953         3739         5525         784CTP2_168         7514           168         1354         3740         5526         784CTP2_169         7520           169         1355         3741         5527         784CTP2_170         7541           170         1356         3742         5528         784CTP2_171         7570           171         1357         3743         5529         784CTP2_172         7576           172         1358         3744         5530         784CTP2_172         7576           173         1359         3745         5531         784CTP2_174         7592           174         1360         3746         5532         784CTP2_174         7502           175         1361         3747         5533         784CTP2_176         7602           176         1362         3748         5534         784CTP2_177         7608           177         1563         3749         5535         784CTP2_178         7615					784CIP2 165	
166   1952   3738   5524   784CIP2_167   7511   167   1953   3739   5525   784CIP2_167   7511   168   1954   3740   5526   784CIP2_168   7520   169   1958   3741   5527   784CIP2_169   7520   170   1356   3742   5528   784CIP2_170   7541   171   1357   3743   5528   784CIP2_171   7570   172   1358   3744   5520   784CIP2_171   7570   173   1358   3744   5530   784CIP2_172   7578   174   1358   3745   5521   784CIP2_172   7578   175   1360   3746   5532   784CIP2_173   7533   176   1360   3746   5532   784CIP2_175   7501   177   1363   3749   5533   784CIP2_175   7501   178   1364   3746   5532   784CIP2_176   7502   179   1965   3751   5536   784CIP2_176   7502   179   1965   3751   5536   784CIP2_176   7515   180   1367   3755   5538   784CIP2_176   7515   181   1367   3755   5538   784CIP2_181   7624   181   1367   3755   5538   784CIP2_181   7624   181   1367   3755   5530   784CIP2_181   7624   181   1367   3755   5530   784CIP2_183   7626					784CIP2 166	
167   1953   3739   5525   794CIP2_16e   7534     168   1954   3740   5526   794CIP2_16e   7534     169   1955   3741   5527   794CIP2_170   7541     170   1956   3742   5528   794CIP2_170   7541     171   1957   3743   5529   794CIP2_171   7570     171   1957   3743   5529   794CIP2_171   7570     172   1958   3744   5530   794CIP2_171   7570     173   1959   3745   5531   794CIP2_173   7582     174   1960   3746   5531   794CIP2_174   7592     175   1961   3747   5533   794CIP2_176   7502     176   1962   3748   5534   794CIP2_176   7502     177   1963   3749   5535   794CIP2_176   7502     178   1964   3750   5536   794CIP2_177   7508     179   1965   3751   5537   794CIP2_171   7515     180   1964   3755   5536   794CIP2_171   7524     181   1957   3753   5539   794CIP2_181   7524     181   1957   3755   5530   794CIP2_181   7524     181   1957   3755   5530   794CIP2_183   7640					784CIP2 167	
168						
169						
170						
171         1957         3743         5529         784CIPZ_172         7578           172         1958         3744         5530         786CIPZ_173         7583           173         1859         3745         5531         784CIPZ_174         7592           174         1360         3746         5532         784CIPZ_175         7501           175         1361         3747         5533         784CIPZ_176         7602           176         3562         3748         5534         784CIPZ_177         7508           177         1363         3749         5535         784CIPZ_178         7615           179         1965         3751         5536         784CIPZ_178         7615           180         3966         3751         5537         784CIPZ_181         7624           181         1367         3753         5538         784CIPZ_183         7840           182         1968         3751         5530         784CIPZ_183         7840					794CTP2 171	
172					704CTD2 172	
173 1959 3745 5531 784CIPE 174 7532 174 1753 174 1753 175 175 175 175 175 175 175 175 175 175						
174						
175         1961         3747         5533         784CIPS_176         7502           176         1962         3746         5534         784CIPS_177         7508           177         1963         3749         5535         784CIPS_178         7615           179         1964         3750         5536         784CIPS_179         7617           179         1965         3751         5537         784CIPS_181         7624           180         1366         3752         5538         784CIPS_182         7826           181         1367         3753         5539         794CIPS_183         7840           182         1956         3754         5540         784CIPS_182         7641						
176 1362 3748 5534 784CID2_1377 7508 177 1363 3749 5535 784CID2_137 7508 178 1364 3750 5536 784CID2_139 7617 179 1365 3751 5537 784CID2_181 7624 180 1366 3752 5538 784CID2_182 7626 181 1367 3753 5539 784CID2_182 7626 182 1368 3754 5550 784CID2_184 7641						
117 1563 3749 5538 784CIP2 178 7615 178 1564 3750 5536 784CIP2 179 7617 179 1565 3751 5537 784CIP2 139 7617 180 1366 3751 5537 784CIP2 181 7624 180 1366 3752 5538 784CIP2 182 7628 181 1367 3753 5539 784CIP2 183 7640 182 1568 3754 5550 784CIP2 184 7641					784C1P2_176	
178 1964 3755 5536 784CHP_179 7517 179 1965 3751 5537 784CHP_181 7624 180 1966 3752 5538 784CHP_182 7625 181 1967 3753 5539 784CHP_182 7625 181 1967 3753 5539 784CHP_183 7640						
179 1965 3751 5537 784CIP2_181 7524 160 1965 3752 5538 784CIP2_182 7526 160 1966 3752 5538 784CIP2_182 7526 161 1,967 3753 5539 784CIP2_182 7540 162 1958 3754 5540 784CIP2_184 7541						
180 1966 3752 5538 784CIP2 182 7626 181 1967 3753 5539 784CIP2 183 7640 182 1968 3754 5540 784CIP2 183 7640						
181 1967 3753 5539 784CIP2 183 7640 182 1968 3754 5540 784CIP2 184 7641						
182 1968 3754 5540 784CIP2_184 7641						
103 1969 3755 5541 784CIP2_185 7641						
	103	1969	3755	5541	/84CIP2_185	7641

of full- length nucleotide acquence   No:	SEQ ID NO:	SEQ ID	SEO ID NO:	SEQ ID	Priority	SEO ID
nucleotide   length   sequence   peptide   nequence	of full-	No: of			docket number_	No:in
Bequence   Peptide   Peptide   Pequence   Priority   Pequence				of contig		U.S.S.N.
			sequence			09/488,725
184 1970 3756 5542 784CHP2_185 7641 185 1971 3757 5543 784CHP2_185 7642 186 1972 3758 5544 784CHP2_188 7649 187 1973 3759 5545 784CHP2_188 7649 188 1974 3760 5546 784CHP2_181 7655 188 1974 3760 5546 784CHP2_191 7657 188 1974 3760 5546 784CHP2_191 7657 189 1976 3762 5548 784CHP2_191 7657 180 1976 3762 5548 784CHP2_191 7657 180 1976 3762 5548 784CHP2_191 7657 180 1976 3762 5548 784CHP2_191 7657 180 1976 3762 5556 784CHP2_192 7662 193 1979 3763 5556 784CHP2_192 7662 193 1979 3765 5551 784CHP2_192 7762 193 1979 3765 5551 784CHP2_195 7780 195 1981 3767 5555 784CHP2_195 7780 195 1982 3769 5555 784CHP2_195 7770 196 1982 3768 5554 784CHP2_195 7773 197 1983 3769 5555 784CHP2_195 7773 198 1984 3770 5555 784CHP2_197 7770 199 1985 3771 5555 784CHP2_200 77744 199 1985 3771 5555 784CHP2_201 7771 200 1986 3772 5556 784CHP2_201 7771 201 1987 3773 5555 784CHP2_201 7771 201 1987 3773 5555 784CHP2_201 7771 202 1988 3774 5556 784CHP2_201 7771 203 1989 1982 3778 5566 784CHP2_201 7771 204 1989 3778 5566 784CHP2_201 7772 205 1991 3777 5562 784CHP2_201 7773 206 1992 3778 5564 784CHP2_201 7773 207 1993 3779 5566 784CHP2_201 7872 206 1992 3778 5566 784CHP2_206 7812 207 1993 3779 5566 784CHP2_201 7872 208 1994 3780 5566 784CHP2_201 7872 209 1995 3778 5566 784CHP2_201 7872 200 1996 3782 5568 784CHP2_201 7822 201 1997 3778 5566 784CHP2_201 7822 202 1998 3778 5566 784CHP2_201 7822 203 1998 3778 5566 784CHP2_201 7827 204 1999 3778 5566 784CHP2_201 7822 205 1999 3778 5566 784CHP2_201 7822 206 1999 3778 5566 784CHP2_201 7822 207 1993 3779 5566 784CHP2_201 7822 208 1994 3780 5566 784CHP2_201 7822 2096 1995 3778 5568 784CHP2_201 7822 2097 3799 5786 5797 784CHP2_201 7822 200 1996 3792 5786 5797 784CHP2_201 7886 201 1997 3797 5569 784CHP2_201 7822 202 1998 3798 5569 784CHP2_201 7822 203 1998 3798 5569 784CHP2_201 7822 204 1998 3798 5569 784CHP2_201 7886 205 1999 3798 5569 784CHP2_201 7886 206 1999 3798 5579 784CHP2_201 7886 207 3886 5577 784CHP2_201 7886 208 1994 3780 5566 784CHP2_201 7886 2092 3788 5577 784CHP2_201 7886 2001 3798 5798 5798 784CHP	sequence			sequence		
185						
186						
186					784CIP2_187	
188					784CIP2_188	
189					784CLP2_189	
190						
191						
193 1979 3765 5551 784CIP2_155 7750 195 1981 3767 5555 784CIP2_155 7750 195 1981 3767 5555 784CIP2_158 7750 135 1982 3768 5555 784CIP2_158 7753 137 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 137 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 139 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 139 1985 3773 5555 784CIP2_201 7777 200 1586 3772 5556 784CIP2_202 7778 201 1986 3774 5556 784CIP2_202 7778 202 1988 3774 5556 784CIP2_202 7778 203 1989 3776 5556 784CIP2_207 7781 204 1359 3776 5562 784CIP2_207 7781 205 1991 3777 5563 784CIP2_207 7812 206 1992 3778 5564 784CIP2_207 7812 206 1992 3778 5564 784CIP2_207 7812 207 1993 3778 5564 784CIP2_207 7812 208 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 209 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 201 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 202 1988 3778 5564 784CIP2_207 7812 203 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 204 13590 3778 5564 784CIP2_207 7812 205 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 207 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 208 1994 3780 5566 784CIP2_207 7827 209 1995 3778 5564 784CIP2_207 7827 209 1995 3781 5567 784CIP2_207 7827 209 1995 3788 5565 784CIP2_207 7827 209 1995 3781 5567 784CIP2_217 7882 209 1995 3781 5567 784CIP2_217 7883 210 1996 3798 5785 5786 784CIP2_218 7885 211 1996 3788 5787 784CIP2_215 7885 212 1996 3788 5571 784CIP2_215 7885 213 1995 3785 5571 784CIP2_215 7855 214 2000 3788 5574 784CIP2_215 7858 215 2001 3787 5573 784CIP2_215 7858 216 2002 3788 5574 784CIP2_217 7881 217 2003 3789 5577 784CIP2_217 7881 218 2004 3790 5576 784CIP2_217 7881 219 2005 3791 5579 784CIP2_217 7881 2210 2006 3792 5578 784CIP2_219 7866 2221 2006 3793 5579 784CIP2_221 7900 2221 2006 3793 5579 784CIP2_221 7900 2221 2007 3793 5579 784CIP2_233 7906 2231 2007 3793 5579 784CIP2_234 6032 2242 2018 3804 5590 784CIP2_235 7900 2243 2018 3804 5590 784CIP2_237 7906 2244 2020 3806 5592 784CIP2_238 8036 2244 2020 3806 5592 784CIP2_239 7900 2241 2007 3793 5579 784CIP2_239 8031 2241 2007 3793 5579 784CIP2_239 8031 2242 2018 3804 5590 784CIP2_239 8031 2243 2018 3804 5590 784CIP2_239 8031 2244 2020 3806 5592 784CIP2_239 8031 2246 2021 3806 5599 784CIP2_239 8031 2247 2031					784CIP2_192	
193 1979 3765 5551 784CIP2_155 7750 195 1981 3767 5555 784CIP2_155 7750 195 1981 3767 5555 784CIP2_158 7750 135 1982 3768 5555 784CIP2_158 7753 137 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 137 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 139 1983 3768 5555 784CIP2_158 7753 139 1985 3773 5555 784CIP2_201 7777 200 1586 3772 5556 784CIP2_202 7778 201 1986 3774 5556 784CIP2_202 7778 202 1988 3774 5556 784CIP2_202 7778 203 1989 3776 5556 784CIP2_207 7781 204 1359 3776 5562 784CIP2_207 7781 205 1991 3777 5563 784CIP2_207 7812 206 1992 3778 5564 784CIP2_207 7812 206 1992 3778 5564 784CIP2_207 7812 207 1993 3778 5564 784CIP2_207 7812 208 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 209 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 201 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 202 1988 3778 5564 784CIP2_207 7812 203 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 204 13590 3778 5564 784CIP2_207 7812 205 1994 3780 5566 784CIP2_207 7812 207 1995 3778 5564 784CIP2_207 7812 208 1994 3780 5566 784CIP2_207 7827 209 1995 3778 5564 784CIP2_207 7827 209 1995 3781 5567 784CIP2_207 7827 209 1995 3788 5565 784CIP2_207 7827 209 1995 3781 5567 784CIP2_217 7882 209 1995 3781 5567 784CIP2_217 7883 210 1996 3798 5785 5786 784CIP2_218 7885 211 1996 3788 5787 784CIP2_215 7885 212 1996 3788 5571 784CIP2_215 7885 213 1995 3785 5571 784CIP2_215 7855 214 2000 3788 5574 784CIP2_215 7858 215 2001 3787 5573 784CIP2_215 7858 216 2002 3788 5574 784CIP2_217 7881 217 2003 3789 5577 784CIP2_217 7881 218 2004 3790 5576 784CIP2_217 7881 219 2005 3791 5579 784CIP2_217 7881 2210 2006 3792 5578 784CIP2_219 7866 2221 2006 3793 5579 784CIP2_221 7900 2221 2006 3793 5579 784CIP2_221 7900 2221 2007 3793 5579 784CIP2_233 7906 2231 2007 3793 5579 784CIP2_234 6032 2242 2018 3804 5590 784CIP2_235 7900 2243 2018 3804 5590 784CIP2_237 7906 2244 2020 3806 5592 784CIP2_238 8036 2244 2020 3806 5592 784CIP2_239 7900 2241 2007 3793 5579 784CIP2_239 8031 2241 2007 3793 5579 784CIP2_239 8031 2242 2018 3804 5590 784CIP2_239 8031 2243 2018 3804 5590 784CIP2_239 8031 2244 2020 3806 5592 784CIP2_239 8031 2246 2021 3806 5599 784CIP2_239 8031 2247 2031					704CIP2_193	
194 1980 3766 5552 784CTP2_157 7709 195 1991 3767 5553 784CTP2_157 7709 196 1992 3768 5555 784CTP2_157 7709 197 1983 3769 5555 784CTP2_159 7735 136 1964 3770 5555 784CTP2_159 7737 136 1964 3770 5555 784CTP2_201 7771 137 1983 3771 5555 784CTP2_201 7771 138 1985 3771 5555 784CTP2_201 7771 139 1985 3777 5555 784CTP2_201 7771 130 1986 3777 5555 784CTP2_201 7785 130 1987 3777 5556 784CTP2_201 7785 130 1987 3777 5561 784CTP2_202 7785 130 1989 3775 5561 784CTP2_204 7787 130 1989 3777 5561 784CTP2_204 7787 130 1989 3777 5563 784CTP2_204 7787 130 1989 3777 5563 784CTP2_206 7812 130 1991 3777 5563 784CTP2_207 7812 130 1993 3779 5564 784CTP2_207 7812 130 1993 3779 5564 784CTP2_207 7812 130 1994 3780 5566 784CTP2_207 7812 131 1995 3781 5567 784CTP2_207 7822 131 1995 3781 5567 784CTP2_20 7822 132 1995 3781 5567 784CTP2_21 7820 131 1995 3781 5567 784CTP2_21 7820 131 1997 3783 5568 784CTP2_21 7820 131 1997 3783 5569 784CTP2_22 7950 131 1997 3783 5569 784CTP2_22 7950 131 1997 3783 5569 784CTP2_23 7960 131 1997 3783 5569 784CTP2_24 7960 131 1997 3783 5569 784CTP2_24 7960 131 1997 3883 784CTP2_24 7960 131 1997 3883 784CTP2_24 7960 131 1997 3883 784CTP2_24 7960 131 1997 3883 784CTP2_24 7960 131 1997 3880 5					704CIP2_194	
195 1981 3767 5553 784C1P2 297 7705 197 1983 3769 5555 784C1P2 298 7735 197 1983 3769 5555 784C1P2 200 7774 139 1984 3770 5555 784C1P2 200 7774 139 1985 3771 5555 784C1P2 200 7774 139 1986 3771 5555 784C1P2 200 7774 200 1986 3772 5555 784C1P2 202 7785 201 1987 3773 5555 784C1P2 202 7785 201 1987 3773 5555 784C1P2 203 7791 202 1988 3774 5560 784C1P2 203 7791 203 1399 3774 5560 784C1P2 203 7791 204 1393 3777 5563 784C1P2 206 7852 205 1399 3775 5660 784C1P2 206 7852 206 1392 3778 5564 784C1P2 206 7852 206 1392 3778 5564 784C1P2 206 7852 207 1393 3777 5563 784C1P2 207 7852 208 1394 3780 5566 784C1P2 207 7852 209 1395 3781 5567 784C1P2 207 7852 209 1395 3782 5566 784C1P2 207 7852 201 1396 3782 5566 784C1P2 211 7850 211 1397 3783 5569 784C1P2 211 7850 212 1393 3778 5568 784C1P2 211 7850 213 1395 3785 5569 784C1P2 211 7850 214 1397 3783 5569 784C1P2 211 7850 215 1395 3782 5568 784C1P2 211 7850 216 1395 3785 5569 784C1P2 211 7850 217 200 1398 3786 5566 784C1P2 211 7850 218 200 1398 3786 5576 784C1P2 211 7850 219 1399 3784 5570 784C1P2 211 7850 211 1997 3783 5569 784C1P2 211 7850 212 1395 3785 5571 784C1P2 217 7861 213 1395 3785 5571 784C1P2 217 7861 214 200 3788 5571 784C1P2 217 7861 215 200 3788 5571 784C1P2 217 7861 216 200 3788 5577 784C1P2 217 7861 217 200 3788 5577 784C1P2 217 7861 219 200 3789 5577 784C1P2 217 7861 210 200 3795 5578 784C1P2 217 7861 210 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 211 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 212 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 213 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 214 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 215 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 216 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 217 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 218 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 219 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 210 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 211 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 212 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 213 200 3795 5579 784C1P2 217 7861 214 200 3795 5579 784C1P2 220 7900 221 200 3795 5579 784C1P2 227 7552 221 200 3795 5580 784C1P2 227 7552 222 200 3795 5580 784C1P2 227 7552 223 200 3795 5580 784C1P2 227 7552 224 200 378						
196						
197						
199					784CTP2 199	
199					784CIP2 200	
200 1986 3772 5558 P8CIP2 202 7785 201 1987 3773 5555 P8CIP2 203 7791 202 1988 3774 5550 F8CIP2 204 7797 202 1988 3774 5550 F8CIP2 204 7797 203 1989 3775 5561 F8CIP2 204 7797 204 1990 3776 5562 F8CIP2 205 7805 205 1991 3777 5562 F8CIP2 207 7812 206 1992 3778 5564 F8CIP2 207 7812 206 1992 3778 5564 F8CIP2 207 7812 207 1953 3799 5565 F8CIP2 207 7812 208 1994 3780 5564 F8CIP2 207 7812 209 1994 3780 5564 F8CIP2 207 7812 201 1995 3783 5564 F8CIP2 207 7812 201 1997 3783 5564 F8CIP2 211 7833 211 1997 3783 5569 F8CIP2 212 7855 213 1999 3785 5573 F8CIP2 213 7855 214 2000 3786 5572 F8CIP2 214 7855 215 2001 3787 5573 F8CIP2 217 7861 216 2002 3788 5571 F8CIP2 217 7861 217 2003 3789 5573 F8CIP2 219 7866 219 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 219 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2005 3793 5577 F8CIP2 219 7866 210 2006 3795 5578 F8CIP2 219 7866 210 2006 3795 5578 F8CIP2 219 7866 210 2006 3795 5578 F8CIP2 221 7906 220 2006 3795 5578 F8CIP2 221 7906 221 2005 3795 5589 F8CIP2 221 7906 222 2006 3795 5589 F8CIP2 221 7988 223 2001 3796 5589 F8CIP2 221 7906 224 2010 3796 5589 F8CIP2 221 7906 225 2001 3797 5589 5580 F8CIP2 222 7900 226 2012 3798 5589 F8CIP2 223 7906 227 2013 3799 5588 FRCIP2 223 7906 228 2014 3800 5586 F8CIP2 223 7906 228 2014 3800 5586 F8CIP2 223 7906 228 2014 3800 5586 F8CIP2 223 7906 228 2014 3800 5589 F8CIP2 223 7906 228 2014 3800 5589 F8CIP2 234 7911 235 2001 3796 5589 F8CIP2 235 7911 236 2016 3802 5589 F8CIP2 236 8001 237 2017 3803 5589 F8CIP2 237 7901 238 2018 3804 5590 F8CIP2 238 8001 244 2020 3806 5599 F8CIP2 234 8002 245 2001 3804 5590 F8CIP2 234 8003 246 2026 3813 5590 F8CIP2 234 8003 247 2028 3814 5500 F8CIP2 234 8003 248 2029 3815 5501 F8CIP2 236 8003 249 2021 3806 5590 FRCIP2 236 8003 240 2026 3813 5590 FRCIP2 236 8003 241 2027 3813 5599 FRCIP2 237 8003 242 2028 3814 5500 FRCIP2 236 8003 243 2029 3815 5501 FRCIP2 236 8003 244 2020 3806 5590 FRCIP2 236 8003					784CTP2 201	
201 1987 3773 5555 784CFP2 203 7791 202 1988 3774 5560 784CFP2 204 7797 203 1989 3775 5561 784CFP2 206 7852 204 1399 3775 5561 784CFP2 206 7852 205 1991 3777 5561 784CFP2 206 7852 205 1991 3777 5563 784CFP2 206 7852 206 1992 3778 5563 784CFP2 207 7852 207 1993 3778 5564 784CFP2 207 7852 208 1994 3778 5564 784CFP2 207 7852 209 1995 3782 5566 784CFP2 207 7852 200 1996 3782 5566 784CFP2 201 7853 201 1997 3783 5567 784CFP2 201 7853 201 1998 3784 5570 784CFP2 214 7850 212 1998 3784 5570 784CFP2 214 7850 212 1998 3786 5570 784CFP2 217 7851 213 1999 3786 5577 784CFP2 218 7856 214 2000 3786 5577 784CFP2 218 7856 215 2001 3787 5573 786CFP2 217 7861 216 2002 37880 5577 784CFP2 218 7866 216 2003 37880 5577 784CFP2 218 7866 216 2003 37880 5577 784CFP2 218 7866 216 2004 3789 5577 784CFP2 218 7866 216 2005 3793 5578 786CFP2 217 7861 217 2007 3787 5573 786CFP2 217 7862 218 2008 3789 5577 786CFP2 217 7862 219 2006 3789 5577 786CFP2 217 7862 210 2007 3789 5577 786CFP2 217 7862 221 2007 3793 5579 786CFP2 227 7900 222 2008 3793 5579 786CFP2 227 7900 223 2009 3794 5580 786CFP2 227 7900 224 2009 3795 5581 786CFP2 227 7900 225 2001 3787 5580 786CFP2 227 7900 226 2006 3795 5581 786CFP2 227 7900 227 2008 3799 5581 786CFP2 227 7900 228 2009 3795 5581 786CFP2 227 7900 229 2001 3786 5589 786CFP2 227 7900 221 2007 3793 5599 786CFP2 224 7908 222 2008 3795 5581 786CFP2 227 7900 223 2009 3795 5581 786CFP2 227 7900 224 2010 3786 5589 786CFP2 228 7900 225 2011 3797 5588 786CFP2 229 7900 226 2013 3790 5589 786CFP2 224 7908 227 2008 3806 5599 786CFP2 236 8030 237 2016 3804 5589 786CFP2 237 8062 239 2016 3804 5589 786CFP2 238 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 231 2019 3806 5599 786CFP2 234 8031 232 2016 3806 5599 786CFP2 234 8031 233 2019 3806 5599 786CFP2	200					
202 1988 3774 5560 784CTP2 204 7797 203 1989 3775 5561 784CTP2 205 7805 204 1390 3776 5562 784CTP2 206 7812 205 1991 3777 5563 784CTP2 206 7812 206 1992 3778 5564 784CTP2 206 7812 206 1992 3778 5564 784CTP2 207 7812 207 1993 3779 5564 784CTP2 207 7812 208 1994 3780 5566 784CTP2 207 7827 208 1994 3780 5566 784CTP2 211 7830 213 1996 3782 5566 784CTP2 211 7830 213 1996 3782 5566 784CTP2 211 7835 213 1996 3782 5566 784CTP2 211 7835 213 1997 3783 5568 784CTP2 211 7835 213 1999 3785 5571 784CTP2 215 7855 213 1999 3785 5571 784CTP2 215 7855 214 2000 3786 5572 784CTP2 215 7855 215 2001 3787 5573 784CTP2 218 7865 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7866 219 2004 3790 5576 784CTP2 219 7866 210 2004 3790 5576 784CTP2 219 7866 211 2004 3790 5577 784CTP2 219 7866 212 2000 3788 5571 784CTP2 219 7866 213 2004 3790 5576 784CTP2 219 7866 214 2002 3788 5577 784CTP2 219 7866 215 2001 3787 5573 784CTP2 219 7866 216 2002 3788 5577 784CTP2 219 7866 217 2003 3789 5575 784CTP2 221 7899 218 2004 3790 5576 784CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 784CTP2 221 7898 220 2006 3792 5578 784CTP2 221 7898 221 2000 3793 5579 784CTP2 221 7898 222 2000 3794 5580 784CTP2 223 7906 223 2000 3794 5580 784CTP2 223 7906 224 2000 3795 5588 784CTP2 223 7906 225 2000 3794 5580 784CTP2 223 7908 226 2012 3798 5584 784CTP2 224 7998 227 2013 3795 5588 784CTP2 224 7998 228 2014 3800 5586 784CTP2 227 7914 229 2015 3801 5589 784CTP2 227 7914 229 2016 3804 5589 784CTP2 223 7966 229 2016 3804 5589 784CTP2 224 7914 229 2016 3804 5589 784CTP2 224 7914 229 2016 3804 5589 784CTP2 236 8014 231 2007 3813 5589 784CTP2 237 8960 232 2016 3804 5589 784CTP2 238 8015 234 2007 3813 5589 784CTP2 238 8016 235 2017 3803 5589 784CTP2 238 8016 236 2017 3813 5599 784CTP2 234 8019 237 2018 3804 5589 784CTP2 234 8019 239 2016 3804 5589 784CTP2 236 8019 231 2007 3813 5599 784CTP2 236 8019 232 2016 3804 5589 784CTP2 237 8012 234 2007 3813 5599 784CTP2 238 8016 235 2017 3813 5599 784CTP2 238 8016 236 2017 3813 5599 784CTP2 236 8019 237 2018 3804 5599 784CTP2 237 8012 239 2018 3804 5599 784CTP2 238					784CIP2 203	
204 1399 3776 5562 784CTP2 206 7812 205 13931 3777 5564 784CTP2 207 7812 206 13932 3778 5564 784CTP2 207 7812 206 13932 3778 5564 784CTP2 207 7812 207 13934 3798 5564 784CTP2 207 7812 207 13934 3798 5565 784CTP2 201 782 208 13936 3798 5567 784CTP2 211 7835 211 1393 3781 5569 784CTP2 212 7835 211 1393 3783 5569 784CTP2 212 7835 211 1393 3784 5570 784CTP2 214 7845 212 13938 3784 5570 784CTP2 217 7861 213 13939 3785 5571 784CTP2 217 7861 214 2000 3786 5572 784CTP2 217 7861 215 2001 3787 5573 784CTP2 217 7861 216 2002 3788 5579 784CTP2 219 7866 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7866 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7866 218 2004 3790 5576 784CTP2 217 7891 219 2005 3751 5577 784CTP2 219 7866 210 2006 3751 5577 784CTP2 219 7866 210 2006 3751 5577 784CTP2 221 7898 211 2005 3751 5577 784CTP2 221 7898 212 2006 3752 5578 784CTP2 221 7898 213 2005 3751 5577 784CTP2 221 7906 222 2006 3752 5578 784CTP2 221 7906 223 2006 3752 5578 784CTP2 221 7906 224 205 206 3758 5581 784CTP2 222 7906 225 206 206 3752 5578 784CTP2 223 7906 226 206 3752 5578 784CTP2 223 7906 227 208 3788 5581 784CTP2 223 7906 228 2001 3796 5589 784CTP2 223 7906 229 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 221 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 222 203 2066 3752 5588 784CTP2 223 7906 223 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 224 205 3788 5581 784CTP2 223 7906 225 206 207 3898 5581 784CTP2 223 7906 226 206 207 3898 5581 784CTP2 223 7906 228 2014 3800 5586 784CTP2 232 7906 228 2014 3800 5586 784CTP2 232 8001 234 2000 3806 5598 784CTP2 233 8001 235 2001 3804 5590 784CTP2 234 8002 236 2016 3804 5590 784CTP2 235 8001 237 2018 3804 5590 784CTP2 236 8036 238 2019 3805 5589 784CTP2 236 8036 239 2016 3804 5590 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 237 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036					784CTP2 204	
204 1399 3776 5562 784CTP2 206 7812 205 13931 3777 5564 784CTP2 207 7812 206 13932 3778 5564 784CTP2 207 7812 206 13932 3778 5564 784CTP2 207 7812 207 13934 3798 5564 784CTP2 207 7812 207 13934 3798 5565 784CTP2 201 782 208 13936 3798 5567 784CTP2 211 7835 211 1393 3781 5569 784CTP2 212 7835 211 1393 3783 5569 784CTP2 212 7835 211 1393 3784 5570 784CTP2 214 7845 212 13938 3784 5570 784CTP2 217 7861 213 13939 3785 5571 784CTP2 217 7861 214 2000 3786 5572 784CTP2 217 7861 215 2001 3787 5573 784CTP2 217 7861 216 2002 3788 5579 784CTP2 219 7866 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7866 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7866 218 2004 3790 5576 784CTP2 217 7891 219 2005 3751 5577 784CTP2 219 7866 210 2006 3751 5577 784CTP2 219 7866 210 2006 3751 5577 784CTP2 221 7898 211 2005 3751 5577 784CTP2 221 7898 212 2006 3752 5578 784CTP2 221 7898 213 2005 3751 5577 784CTP2 221 7906 222 2006 3752 5578 784CTP2 221 7906 223 2006 3752 5578 784CTP2 221 7906 224 205 206 3758 5581 784CTP2 222 7906 225 206 206 3752 5578 784CTP2 223 7906 226 206 3752 5578 784CTP2 223 7906 227 208 3788 5581 784CTP2 223 7906 228 2001 3796 5589 784CTP2 223 7906 229 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 221 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 222 203 2066 3752 5588 784CTP2 223 7906 223 2006 3758 5581 784CTP2 223 7906 224 205 3788 5581 784CTP2 223 7906 225 206 207 3898 5581 784CTP2 223 7906 226 206 207 3898 5581 784CTP2 223 7906 228 2014 3800 5586 784CTP2 232 7906 228 2014 3800 5586 784CTP2 232 8001 234 2000 3806 5598 784CTP2 233 8001 235 2001 3804 5590 784CTP2 234 8002 236 2016 3804 5590 784CTP2 235 8001 237 2018 3804 5590 784CTP2 236 8036 238 2019 3805 5589 784CTP2 236 8036 239 2016 3804 5590 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 237 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036 231 2017 3813 5599 784CTP2 236 8036	203				784CIP2 205	
205 1991 3777 5563 786CFP2 207 78.12 206 1992 3778 5564 786CFP2 208 78.18 207 1993 3779 5565 786CFP2 209 7822 207 1993 3779 5565 786CFP2 210 7822 213 1994 3780 5566 786CFP2 210 7822 213 1995 3783 5560 784CFP2 211 7830 214 1995 3784 5570 784CFP2 214 7830 215 1996 3784 5570 784CFP2 214 7830 212 1998 3784 5570 784CFP2 214 7830 213 1997 3783 5569 784CFP2 214 7850 214 2000 3786 5572 786CFP2 217 7861 215 2001 3787 5573 786CFP2 217 7861 216 2002 3788 5572 786CFP2 217 7861 217 2003 3788 5574 786CFP2 218 7866 217 2003 3788 5574 786CFP2 218 7866 217 2003 3785 5575 786CFP2 217 7861 218 2004 3790 5577 786CFP2 219 7866 219 2006 3793 5579 786CFP2 219 7866 221 2007 3783 5579 786CFP2 220 7898 222 2008 3795 5571 786CFP2 220 7898 223 2009 3795 5576 786CFP2 227 7930 221 2007 3787 5578 786CFP2 229 7960 222 2008 3795 5578 786CFP2 227 7932 223 2009 3795 5578 786CFP2 227 7932 224 2010 3789 5589 786CFP2 227 7932 225 2011 3797 5583 786CFP2 227 7932 226 207 3783 5579 786CFP2 227 7932 227 2013 3799 5581 786CFP2 228 7960 227 2013 3799 5581 786CFP2 228 7960 227 2013 3799 5581 786CFP2 229 7960 227 2013 3799 5581 786CFP2 229 7960 227 2013 3799 5581 786CFP2 229 7960 228 2014 3800 5586 786CFP2 229 7960 229 2016 3804 5580 786CFP2 229 7960 231 2016 3804 5580 786CFP2 234 8032 234 2002 3806 5592 786CFP2 234 8032 235 2016 3804 5590 786CFP2 236 8033 236 2016 3806 5592 786CFP2 236 8033 237 2023 3806 5594 786CFP2 236 8034 239 2016 3806 5594 786CFP2 236 8034 230 2026 3806 5594 786CFP2 236 8034 231 2027 3813 5599 786CFP2 236 8034 231 2027 3813 5599 786CFP2 236 8034 234 2020 3806 5594 786CFP2 236 8034 236 2022 3806 5594 786CFP2 236 8034 237 2033 3809 5594 786CFP2 236 8034 237 2033 3809 5594 786CFP2 236 8034 239 2036 3815 5590 786CFP2 236 8035 231 2027 3813 5599 786CFP2 236 8034 233 2029 3806 5594 786CFP2 236 8034 234 2020 3806 5594 786CFP2 236 8035 234 2020 3806 5594 786CFP2 236 8035 234 2020 3806 5594 786CFP2 236 8036 234 2022 3809 5594 786CFP2 236 8036 234 2022 3809 5594 786CFP2 236 8036 234 2022 3806 5594 786CFP2 236 8036 234 2022 3806 5594 786CFP2 23					784CTP2 206	
206 1992 3778 5564 786CIP2_208 7818 207 1993 3778 5565 786CIP2_208 7812 208 1994 3780 5566 786CIP2_210 7827 208 1994 3780 5566 786CIP2_211 7830 210 1995 3701 5567 786CIP2_211 7830 210 1996 3702 5566 786CIP2_211 7830 211 1997 3783 5569 786CIP2_211 7830 212 1989 3704 5570 786CIP2_212 7835 213 1989 3704 5570 786CIP2_214 7840 2213 1989 3704 5570 786CIP2_214 7860 2214 2000 3786 5572 786CIP2_214 7860 215 2001 3787 5573 786CIP2_217 7861 215 2001 3787 5573 786CIP2_217 7861 216 2002 3788 5572 786CIP2_217 7861 217 2003 3789 5575 786CIP2_217 7868 210 2004 3790 5576 786CIP2_217 7868 211 2004 3790 5576 786CIP2_217 7868 212 2005 3791 5577 786CIP2_217 7868 213 2005 3791 5577 786CIP2_22 7900 220 2006 3792 5578 786CIP2_22 7900 221 2007 3793 5579 786CIP2_22 7900 221 2007 3793 5579 786CIP2_22 7900 222 2008 3794 5560 786CIP2_22 7900 223 2006 3795 5586 786CIP2_22 7900 224 205 206 3795 5586 786CIP2_22 7900 225 206 3795 5586 786CIP2_22 7900 226 207 3793 5579 786CIP2_22 7900 227 208 3794 5560 786CIP2_22 7900 228 2011 3797 5583 786CIP2_22 7900 229 2015 3800 5586 786CIP2_22 7900 229 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 220 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 221 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 222 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 223 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 224 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 225 2016 3800 5586 786CIP2_23 7900 226 2016 3800 5586 786CIP2_23 8001 231 2019 3806 5590 786CIP2_23 8001 232 2016 3800 5587 786CIP2_23 8001 233 2019 3806 5590 786CIP2_23 8001 244 2020 3806 5590 786CIP2_23 8001 245 2022 3806 5591 786CIP2_23 8001 246 2026 3811 5590 786CIP2_23 8001 247 2027 3811 5599 786CIP2_23 8001 248 2027 3811 5599 786CIP2_24 8117 249 2028 3814 5500 786CIP2_24 8117 240 2028 3814 5500 786CIP2_24 8117 241 2027 3811 5599 786CIP2_24 8117 242 2028 3811 5500 786CIP2_24 8117 243 2028 3811 5500 786CIP2_24 8117 244 2028 3811 5500 786CIP2_24 8117 245 2028 3811 5500 786CIP2_24 8117	205	1991			784CIP2 207	
268 1994 3780 5566 784CPP2 210 7827 209 1999 3781 5567 784CPP2 211 7830 210 1996 3782 5568 784CPP2 212 7835 210 1996 3782 5568 784CPP2 214 7830 211 1997 3783 5569 784CPP2 214 7830 212 1998 3784 5570 784CPP2 214 7830 213 1998 3785 5571 784CPP2 216 7858 214 2000 3796 5572 784CPP2 216 7858 214 2000 3786 5572 784CPP2 216 7858 217 2003 3787 5573 784CPP2 210 7866 218 2004 3786 5572 784CPP2 217 7866 219 2005 3787 5573 784CPP2 210 7866 219 2006 3793 5575 784CPP2 210 7866 219 2006 3793 5577 784CPP2 210 7868 210 2006 3793 5577 784CPP2 220 7900 221 2007 3793 5577 784CPP2 221 7868 222 2008 3794 5580 784CPP2 222 7900 223 2009 3795 5581 784CPP2 223 7906 224 2007 3795 5581 784CPP2 224 7908 225 2013 3787 5585 784CPP2 224 7908 226 207 3795 5581 784CPP2 224 7908 227 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 228 2011 3797 5583 784CPP2 227 7932 229 2015 3800 5586 784CPP2 227 7932 239 2015 3800 5586 784CPP2 227 7932 231 200 2016 3802 5588 784CPP2 232 8033 232 2018 3804 55590 784CPP2 232 8032 234 2002 3806 5592 784CPP2 234 8032 235 2011 3807 5589 784CPP2 234 8032 236 2018 3804 55590 784CPP2 237 8052 239 2018 3804 55590 784CPP2 238 8034 230 2018 3806 5598 784CPP2 238 8034 231 2029 3806 5599 784CPP2 234 8032 234 2020 3806 5599 784CPP2 234 8032 235 2021 3807 5599 784CPP2 234 8032 246 2026 3810 5599 784CPP2 234 8032 247 2020 3806 5599 784CPP2 234 8032 248 2020 3806 5599 784CPP2 234 8032 249 2020 3806 5599 784CPP2 234 8032 240 2026 3813 5599 784CPP2 244 8032 241 2020 3806 5599 784CPP2 244 8032 244 2020 3806 5599 784CPP2 244 8032 245 2021 3807 5599 784CPP2 244 8032 246 2026 3815 5590 784CPP2 244 8032 247 2028 3811 5599 784CPP2 244 80315 248 2028 3811 5590 784CPP2 244 80315	206					
268 1994 3780 5566 784CTP2 210 7827 269 1995 3781 5567 784CTP2 211 7830 210 1996 3782 5568 784CTP2 211 7830 211 1997 3763 5568 784CTP2 214 7840 211 1997 3763 5569 784CTP2 214 7840 213 1998 3784 5570 784CTP2 214 7840 213 1998 3788 5571 784CTP2 216 7858 214 2000 3788 5571 784CTP2 218 7858 215 2001 3787 5573 784CTP2 218 7865 215 2002 3788 5573 784CTP2 219 7865 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7865 217 2003 3789 5575 784CTP2 219 7865 219 2005 3791 5577 784CTP2 219 7865 219 2005 3791 5577 784CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 784CTP2 221 7898 221 2000 3795 5576 784CTP2 220 7900 221 2007 3793 5579 784CTP2 221 7900 221 2007 3793 5579 784CTP2 227 7902 221 2007 3793 5579 784CTP2 227 7902 222 2008 3794 5580 784CTP2 227 7902 223 2000 3795 5581 784CTP2 227 7902 224 2010 3795 5581 784CTP2 227 7902 225 2001 3797 5581 784CTP2 227 7902 226 2013 3797 5581 784CTP2 227 7902 227 2013 3797 5581 784CTP2 227 7902 228 2014 5800 5586 784CTP2 227 7902 229 2015 3801 5587 784CTP2 227 7902 229 2015 3800 5588 784CTP2 227 7902 229 2015 3800 5588 784CTP2 230 8605 230 2016 3802 5588 784CTP2 231 7944 2029 2015 3801 5587 784CTP2 232 8005 233 2019 3805 5581 784CTP2 232 8005 234 2020 3806 5592 784CTP2 232 8002 234 2020 3806 5592 784CTP2 234 8029 235 2011 3807 5593 784CTP2 236 8030 236 2022 3808 5594 784CTP2 237 8032 237 2018 3804 55590 784CTP2 237 8032 238 2019 3805 5591 784CTP2 237 8032 239 2016 3806 5592 784CTP2 237 8032 240 2026 3806 5592 784CTP2 237 8032 241 2020 3806 5592 784CTP2 237 8032 242 2020 3806 5592 784CTP2 237 8032 243 2020 3806 5593 784CTP2 236 8030 244 2020 3806 5599 784CTP2 237 8032 249 2021 5801 5859 784CTP2 237 8032 240 2026 5813 5559 784CTP2 234 8039 241 2027 3813 5599 784CTP2 234 8039 243 2029 3814 5500 784CTP2 246 8131 244 2020 3814 5500 784CTP2 246 8131 245 2027 3811 5500 784CTP2 246 8131	207	1993	3779	5565	784CTP2 209	7822
210 1996 3792 5568 784CTP2 212 7835 211 1997 3763 5569 784CTP2 212 7835 213 1998 3764 5570 784CTP2 215 7858 213 1998 3764 5570 784CTP2 216 7858 213 1999 3764 5570 784CTP2 216 7858 215 2001 3776 5573 784CTP2 216 7858 215 2001 3777 5573 784CTP2 217 7865 215 2002 3788 5573 784CTP2 219 7865 217 2003 3789 5575 786CTP2 220 7889 218 2004 3790 5576 786CTP2 220 7889 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 221 2000 3798 5578 786CTP2 220 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 221 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 223 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 227 7902 221 2007 3793 5579 786CTP2 227 7902 222 2008 3794 5580 786CTP2 227 7902 223 2000 3795 5581 786CTP2 227 7902 224 2013 3797 5581 786CTP2 227 7902 225 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 226 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 227 2008 3794 5580 786CTP2 228 7907 228 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 229 2015 3800 5588 786CTP2 228 7917 229 2015 3800 5588 786CTP2 230 7841 229 2016 3800 5588 786CTP2 231 7944 229 2016 3800 5588 786CTP2 232 8002 231 2016 3804 5590 786CTP2 232 8002 232 2016 3804 5590 786CTP2 234 8029 233 2019 3805 5591 786CTP2 234 8029 234 2020 3806 5592 786CTP2 235 8033 244 2020 3806 5592 786CTP2 236 8036 245 2021 3806 5592 786CTP2 237 8052 246 2022 3806 5592 786CTP2 238 8036 239 2015 3801 5599 786CTP2 236 8036 240 2026 3813 5599 786CTP2 236 8036 241 2027 3813 5599 786CTP2 236 8036 242 2028 3814 5500 786CTP2 237 8015 243 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 244 2020 3806 5592 786CTP2 237 8036 236 2027 3813 5599 786CTP2 236 8036 246 2027 3813 5599 786CTP2 246 8137 247 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 247 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3815 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3815 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3816 5500 786CTP2 246 8137 249 2028 3816 5500 786CTP2 246 8137 240 2028 3815 5500 786CTP2 246 8139	208	1994	3780	5566	784CIP2 210	
210 1996 3792 5568 784CTP2 212 7835 211 1997 3763 5569 784CTP2 212 7835 213 1998 3764 5570 784CTP2 215 7858 213 1998 3764 5570 784CTP2 216 7858 213 1999 3764 5570 784CTP2 216 7858 215 2001 3776 5573 784CTP2 216 7858 215 2001 3777 5573 784CTP2 217 7865 215 2002 3788 5573 784CTP2 219 7865 217 2003 3789 5575 786CTP2 220 7889 218 2004 3790 5576 786CTP2 220 7889 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 221 2000 3798 5578 786CTP2 220 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 221 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 223 7900 221 2007 3793 5579 786CTP2 227 7902 221 2007 3793 5579 786CTP2 227 7902 222 2008 3794 5580 786CTP2 227 7902 223 2000 3795 5581 786CTP2 227 7902 224 2013 3797 5581 786CTP2 227 7902 225 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 226 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 227 2008 3794 5580 786CTP2 228 7907 228 2015 3797 5581 786CTP2 227 7902 229 2015 3800 5588 786CTP2 228 7917 229 2015 3800 5588 786CTP2 230 7841 229 2016 3800 5588 786CTP2 231 7944 229 2016 3800 5588 786CTP2 232 8002 231 2016 3804 5590 786CTP2 232 8002 232 2016 3804 5590 786CTP2 234 8029 233 2019 3805 5591 786CTP2 234 8029 234 2020 3806 5592 786CTP2 235 8033 244 2020 3806 5592 786CTP2 236 8036 245 2021 3806 5592 786CTP2 237 8052 246 2022 3806 5592 786CTP2 238 8036 239 2015 3801 5599 786CTP2 236 8036 240 2026 3813 5599 786CTP2 236 8036 241 2027 3813 5599 786CTP2 236 8036 242 2028 3814 5500 786CTP2 237 8015 243 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 244 2020 3806 5592 786CTP2 237 8036 236 2027 3813 5599 786CTP2 236 8036 246 2027 3813 5599 786CTP2 246 8137 247 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 247 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3815 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3815 5500 786CTP2 246 8137 248 2029 3816 5500 786CTP2 246 8137 249 2028 3816 5500 786CTP2 246 8137 240 2028 3815 5500 786CTP2 246 8139		1995	3781	5567	784CIP2_211	7830
212 1998 3784 5570 784CTP2 215 7858 213 1399 3785 5571 784CTP2 216 7858 214 2000 3796 5572 786CTP2 217 7861 215 2001 3796 5572 786CTP2 217 7861 215 2001 3797 5573 786CTP2 218 7866 216 2002 37988 5574 786CTP2 218 7866 217 2001 3798 5575 786CTP2 219 7868 217 2001 3798 5575 786CTP2 219 7868 218 2005 3790 5577 786CTP2 220 7898 219 2006 3790 5577 786CTP2 220 7898 221 2007 3793 5579 786CTP2 221 7506 221 2007 3793 5579 786CTP2 222 7960 222 2008 3795 5579 786CTP2 222 7960 223 2009 3795 5579 786CTP2 222 7960 223 2009 3795 5581 786CTP2 222 7960 223 2009 3795 5581 786CTP2 225 7960 224 2010 3797 5583 786CTP2 225 7970 225 2011 3797 5583 786CTP2 226 7917 226 2012 3798 5584 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 227 2013 3799 5585 786CTP2 229 7960 228 2016 3804 5590 786CTP2 236 8032 231 2016 3804 5590 786CTP2 237 8032 232 2016 3804 5590 786CTP2 237 8032 234 2020 3806 5592 786CTP2 237 8032 235 2016 3806 5592 786CTP2 238 8034 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 8034 239 2035 3801 5599 786CTP2 238 8034 239 2035 3801 5599 786CTP2 238 8034 239 2035 3801 5599 786CTP2 238 8034 239 2036 3806 5592 786CTP2 238 8034 239 2036 3806 5594 786CTP2 238 8034 230 2037 3805 5599 786CTP2 238 8034 231 2027 3813 5599 786CTP2 234 8037 234 2020 3806 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3808 5594 786CTP2 234 8037 237 2033 3805 5599 786CTP2 234 8037 236 2022 3808 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3808 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3808 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3808 5594 786CTP2 234 8037 237 2033 3805 5599 786CTP2 234 8037 236 2022 3806 5594 786CTP2 236 8036 237 2033 3805 5595 786CTP2 236 8036 237 2033 3805 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3806 5594 786CTP2 234 8037 236 2022 3806 5594 786CTP2 234 8037 237 2033 3805 5595 786CTP2 234 8037 236 2022 3806 5594 786CTP2 234 8037 237 2033 3805 5595 786CTP2 23	210	1996	3782	5568	784CIP2 212	7835
213 1999 3785 5571 786CIP2 216 7885 214 2000 3786 5572 786CIP2 217 7861 215 2001 3787 5573 786CIP2 217 7861 215 2001 3787 5573 786CIP2 219 7866 212 215 2001 3787 5573 786CIP2 219 7866 212 216 2002 3788 5574 786CIP2 219 7868 217 2003 3789 5575 786CIP2 219 7868 217 2004 3790 5576 786CIP2 210 7898 218 2004 3790 5576 786CIP2 221 7898 218 2004 3790 5576 786CIP2 221 7898 218 2005 3791 5577 786CIP2 221 7900 219 220 2006 3792 5578 786CIP2 221 7906 222 7900 3793 5577 786CIP2 222 7900 222 2006 3793 5579 786CIP2 222 7900 222 2006 3793 5579 786CIP2 223 7906 222 2001 3796 5580 786CIP2 223 7906 222 2001 3796 5580 786CIP2 224 7908 222 2001 3796 5580 786CIP2 227 7902 228 201 3797 5581 786CIP2 227 7902 228 201 3797 5581 786CIP2 228 7910 228 201 3799 5585 786CIP2 229 7910 228 201 3800 5586 786CIP2 229 7910 229 201 3800 5586 786CIP2 229 7910 229 201 3800 5586 786CIP2 229 8001 3800 5586 786CIP2 229 8001 3800 5586 786CIP2 229 8001 229 201 3800 5586 786CIP2 239 8001 231 232 201 3800 5586 786CIP2 239 8001 232 201 2016 3802 5588 786CIP2 234 8029 232 2016 3804 5590 786CIP2 234 8029 232 2016 3804 5590 786CIP2 235 8033 8021 234 2020 3806 5591 786CIP2 236 8034 8029 234 2020 3806 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 237 8052 239 2016 3804 5590 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 237 8052 239 2016 3804 5590 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 237 8052 239 2016 3806 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 237 8052 239 2016 3806 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 237 8032 8036 5591 786CIP2 237 8032 8036 5591 786CIP2 238 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 5591 786CIP2 236 8036 8036 8036 8036 8036 8036 8036 80	211	1997	3783	5569	784CIP2_214	7840
214 2000 3786 5572 784CHP2 217 7861 215 2010 3787 5573 784CHP2 217 7861 216 2002 3788 5574 784CHP2 218 7866 217 2003 3789 5574 784CHP2 220 7898 218 2004 3790 5576 784CHP2 220 7898 218 2004 3790 5576 784CHP2 220 7898 219 2005 3791 5577 784CHP2 222 7900 221 2007 3733 5577 784CHP2 222 7900 222 2007 3733 5573 784CHP2 222 7900 223 2009 3795 5581 784CHP2 225 7950 224 2009 3795 5581 784CHP2 225 7950 224 2010 3796 5586 784CHP2 225 7950 225 2011 3797 5583 784CHP2 227 7952 226 2011 3797 5583 784CHP2 227 7952 227 2013 3799 5585 784CHP2 229 7960 227 2013 3799 5585 784CHP2 229 7960 227 2013 3799 5585 784CHP2 229 7960 228 2014 3800 5586 784CHP2 229 7960 229 2015 5880 5882 784CHP2 229 7960 220 2016 3800 5586 784CHP2 229 7960 221 2017 3800 5586 784CHP2 229 7960 222 2018 3800 5586 784CHP2 238 8001 231 2019 3805 5589 784CHP2 231 7984 232 2014 3800 5586 784CHP2 231 7864 233 2019 3806 5590 784CHP2 234 8003 234 2020 3806 5592 784CHP2 236 8039 234 2022 3808 5594 784CHP2 238 8039 234 2022 3808 5594 784CHP2 238 8039 234 2020 3806 5592 784CHP2 237 8052 235 2016 3804 5580 784CHP2 238 8039 236 2022 3808 5594 784CHP2 238 8039 236 2022 3808 5594 784CHP2 238 8039 237 2033 3809 5594 784CHP2 238 8039 239 2016 3806 5592 784CHP2 238 8039 231 2029 3805 5595 784CHP2 238 8039 234 2020 3806 5592 784CHP2 238 8039 235 2021 3807 5595 784CHP2 238 8039 236 2022 3808 5594 784CHP2 234 8039 236 2022 3808 5594 784CHP2 234 8039 237 2033 3809 5595 784CHP2 248 8139 249 2020 3815 5590 784CHP2 248 8139 240 2020 3815 5590 784CHP2 248 8139 241 2027 3813 5590 784CHP2 244 8132 242 2028 8814 5590 784CHP2 244 8139 243 2029 3815 5590 784CHP2 244 8139 244 2020 3815 5590 784CHP2 244 8139 245 2028 3815 5590 784CHP2 244 8139 246 2028 3815 5590 784CHP2 244 8139 246 2028 3815 5590 784CHP2 244 8139 246 2028 3815 5590 784CHP2 247 8161						
215 2001 3787 5573 784CTP2 218 7866 216 2002 3788 5574 784CTP2 219 7868 217 2001 3788 5575 784CTP2 219 7888 218 2004 3789 5575 784CTP2 221 7888 229 2006 3793 5577 784CTP2 221 7898 220 2006 3793 5577 784CTP2 221 7908 221 2007 3793 5579 784CTP2 224 7908 222 2008 3794 5586 784CTP2 224 7908 224 2010 3796 5582 784CTP2 225 7508 224 2010 3796 5582 784CTP2 226 7917 225 2011 3797 5583 784CTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 784CTP2 229 7940 227 2013 3797 5583 784CTP2 229 7940 228 2014 3800 5586 784CTP2 227 7952 228 2016 3802 5588 784CTP2 229 7940 229 2015 3801 5598 784CTP2 229 8001 229 2016 3802 5588 784CTP2 229 8001 229 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 230 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 231 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 232 2018 3804 5590 784CTP2 232 8001 233 2019 3805 5589 784CTP2 232 8001 234 2020 3806 5586 784CTP2 232 8001 235 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 236 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 237 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 238 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 239 2018 3804 5590 784CTP2 234 8029 231 2018 3804 5590 784CTP2 234 8039 232 2018 3806 5595 784CTP2 234 8039 233 2019 3805 5591 784CTP2 234 8039 234 2020 3806 5592 784CTP2 234 8039 235 2024 3810 5599 784CTP2 234 8034 240 2026 3811 5599 784CTP2 244 8131 240 2026 3811 5599 784CTP2 244 8131 241 2027 3813 5599 784CTP2 244 8131 242 2028 3814 5509 784CTP2 244 8131 243 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131 244 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131 244 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131					784CIP2_216	
215 2001 3787 5573 784CTP2 218 7866 216 2002 3788 5574 784CTP2 219 7868 217 2001 3788 5575 784CTP2 219 7888 218 2004 3789 5575 784CTP2 221 7888 229 2006 3793 5577 784CTP2 221 7898 220 2006 3793 5577 784CTP2 221 7908 221 2007 3793 5579 784CTP2 224 7908 222 2008 3794 5586 784CTP2 224 7908 224 2010 3796 5582 784CTP2 225 7508 224 2010 3796 5582 784CTP2 226 7917 225 2011 3797 5583 784CTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 784CTP2 229 7940 227 2013 3797 5583 784CTP2 229 7940 228 2014 3800 5586 784CTP2 227 7952 228 2016 3802 5588 784CTP2 229 7940 229 2015 3801 5598 784CTP2 229 8001 229 2016 3802 5588 784CTP2 229 8001 229 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 230 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 231 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 232 2018 3804 5590 784CTP2 232 8001 233 2019 3805 5589 784CTP2 232 8001 234 2020 3806 5586 784CTP2 232 8001 235 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 236 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 237 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 238 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 239 2018 3804 5590 784CTP2 234 8029 231 2018 3804 5590 784CTP2 234 8039 232 2018 3806 5595 784CTP2 234 8039 233 2019 3805 5591 784CTP2 234 8039 234 2020 3806 5592 784CTP2 234 8039 235 2024 3810 5599 784CTP2 234 8034 240 2026 3811 5599 784CTP2 244 8131 240 2026 3811 5599 784CTP2 244 8131 241 2027 3813 5599 784CTP2 244 8131 242 2028 3814 5509 784CTP2 244 8131 243 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131 244 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131 244 2028 3815 5501 784CTP2 244 8131					784CIP2_217	
217 2003 378B 5575 78CCTP2 220 7885 218 2004 3790 5576 786CTP2 221 7889 219 2005 3791 5577 786CTP2 221 7898 219 2005 3791 5577 786CTP2 222 7900 220 2006 3792 5578 786CTP2 223 7906 221 2007 3793 5579 786CTP2 223 7906 221 2007 3793 5579 786CTP2 224 7908 222 2008 3794 5580 786CTP2 225 7909 223 2000 3795 5581 786CTP2 225 7909 224 2010 3796 5582 786CTP2 227 7952 224 2010 3796 5582 786CTP2 227 7952 225 2011 3797 5583 786CTP2 227 7952 226 2012 3797 5583 786CTP2 227 7952 227 2013 3797 5588 786CTP2 237 7860 228 2014 5800 5586 786CTP2 231 7954 229 2015 5801 5587 786CTP2 232 8051 230 2016 5802 5588 786CTP2 231 7954 229 2015 3801 5587 786CTP2 232 8051 230 2016 3802 5588 786CTP2 232 8052 231 2017 3801 5587 786CTP2 232 8052 232 2018 3804 5590 786CTP2 235 8032 233 2019 3805 5591 786CTP2 236 8032 234 2020 5806 5592 786CTP2 237 8052 234 2020 3806 5592 786CTP2 236 8030 236 2022 3806 5592 786CTP2 237 8052 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 8036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 8036 236 2022 3808 5594 786CTP2 237 8052 236 2022 3808 5595 786CTP2 236 8036 236 2022 3808 5599 786CTP2 236 8036 236 2022 3808 5599 786CTP2 236 8036 237 246 2026 3813 5599 786CTP2 248 8137 249 2026 3813 5599 786CTP2 248 8137 240 2026 3813 5599 786CTP2 248 8137 241 2027 3813 5599 786CTP2 248 8137 242 2028 3814 5500 786CTP2 248 8137 243 2028 3814 5500 786CTP2 246 8137 244 2029 3815 5500 786CTP2 246 8159 244 2029 3815 5500 786CTP2 246 8159 245 2028 3815 5500 786CTP2 246 8159					784CIP2_218	
218 2004 3790 \$576 784CTP2 221 7858 219 2005 3791 \$577 784CTP2 222 7990 220 2006 3792 \$578 784CTP2 222 7990 220 2006 3792 \$578 784CTP2 223 7906 221 2007 3793 \$579 784CTP2 223 7908 222 2008 3794 \$5580 784CTP2 225 7909 224 2010 3795 5581 784CTP2 226 7917 224 2010 3796 5582 784CTP2 226 7917 224 2010 3796 5582 784CTP2 227 7932 225 2011 3797 5583 784CTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 784CTP2 228 7940 227 2013 3799 5585 784CTP2 229 7940 228 2014 3800 5586 784CTP2 230 7994 228 2015 3801 5587 784CTP2 230 8051 230 2016 3802 5586 784CTP2 231 8051 231 2017 3801 5587 784CTP2 232 8051 232 2018 3801 5580 784CTP2 231 8052 233 2016 3802 5586 784CTP2 232 8051 234 2018 3801 5580 784CTP2 231 8052 235 2018 3807 5581 784CTP2 232 8053 242 2018 3807 5581 784CTP2 233 8052 243 2019 3804 5580 784CTP2 234 8053 244 2020 3804 5585 784CTP2 235 8053 245 2022 3808 5591 784CTP2 235 8053 247 2022 3808 5591 784CTP2 237 8052 239 2021 3807 5591 784CTP2 238 8055 239 2022 3808 5591 784CTP2 238 8055 239 2022 3808 5591 784CTP2 248 8112 240 2026 3811 5599 784CTP2 241 8115 240 2026 3811 5599 784CTP2 241 8115 241 2027 3813 5599 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 246 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159					784CIP2_219	
219 2005 3791 5577 78GCTP2 222 7990 220 2006 3792 5578 78GCTP2 223 7900 221 2007 3793 5579 78GCTP2 224 7908 221 2007 3793 5579 78GCTP2 224 7908 222 2008 3794 5580 78GCTP2 224 7908 223 2009 3795 5581 78GCTP2 227 7953 224 2010 3796 5582 78GCTP2 227 7953 224 2010 3796 5582 78GCTP2 227 7953 228 2011 3797 5583 78GCTP2 227 7953 228 2011 3797 5583 78GCTP2 227 7940 228 2011 3797 5583 78GCTP2 227 7940 228 2011 3800 5586 78GCTP2 23 7940 229 2013 3800 5586 78GCTP2 23 803 230 2016 3802 5588 78GCTP2 23 803 230 2016 3802 5588 78GCTP2 23 803 231 2019 3804 5590 78GCTP2 23 803 232 2016 3804 5590 78GCTP2 23 803 232 2018 3804 5590 78GCTP2 23 803 234 2020 3806 5591 78GCTP2 23 803 234 2020 3806 5592 78GCTP2 23 803 234 2020 3806 5592 78GCTP2 23 803 236 2022 3808 5594 78GCTP2 23 803 236 2022 3808 5594 78GCTP2 23 803 236 2022 3808 5594 78GCTP2 23 803 237 2033 3808 5594 78GCTP2 236 803 236 2022 3808 5594 78GCTP2 237 8052 239 2033 3808 5594 78GCTP2 237 8052 239 2035 3808 5594 78GCTP2 247 8052 240 2026 3813 5599 78GCTP2 248 813 241 2027 3813 5599 78GCTP2 248 813 242 2028 3814 5500 78GCTP2 248 813 243 2029 3815 5590 78GCTP2 248 813 244 2028 3814 5500 78GCTP2 248 813 244 2028 3815 5590 78GCTP2 248 8159 244 2028 3815 5500 78GCTP2 248 8159 244 2028 3815 5500 78GCTP2 248 8159						
221 2007 3793 5579 786CTP2 224 7908 222 2008 3794 5550 786CTP2 225 7909 223 2008 3795 5581 786CTP2 225 7959 223 2008 3795 5581 786CTP2 225 7959 223 2008 3795 5581 786CTP2 227 7932 226 2012 3798 5584 786CTP2 237 7932 227 2013 3799 5585 786CTP2 237 7944 228 2014 3800 5586 786CTP2 237 7944 229 2015 3801 5587 786CTP2 232 6001 230 2016 3802 5588 786CTP2 232 6001 231 2017 3803 5589 786CTP2 232 6001 232 2018 3804 5590 786CTP2 235 6032 233 2019 3805 5591 786CTP2 236 6032 234 2020 3806 5592 786CTP2 238 6036 234 2020 3806 5592 786CTP2 238 6036 235 2021 3807 5593 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 248 6031 249 2026 3811 5599 786CTP2 248 6031 240 2026 3812 5598 786CTP2 248 6031 241 2027 3813 5599 786CTP2 248 6031 242 2028 3814 5500 786CTP2 248 60319 244 2028 3815 5500 786CTP2 248 60319 244 2028 3815 5500 786CTP2 248 60319					784CIP2_221	
221 2007 3793 5579 786CTP2 224 7908 222 2008 3794 5550 786CTP2 225 7909 223 2008 3795 5581 786CTP2 225 7959 223 2008 3795 5581 786CTP2 225 7959 223 2008 3795 5581 786CTP2 227 7932 226 2012 3798 5584 786CTP2 237 7932 227 2013 3799 5585 786CTP2 237 7944 228 2014 3800 5586 786CTP2 237 7944 229 2015 3801 5587 786CTP2 232 6001 230 2016 3802 5588 786CTP2 232 6001 231 2017 3803 5589 786CTP2 232 6001 232 2018 3804 5590 786CTP2 235 6032 233 2019 3805 5591 786CTP2 236 6032 234 2020 3806 5592 786CTP2 238 6036 234 2020 3806 5592 786CTP2 238 6036 235 2021 3807 5593 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 238 6036 236 2022 3808 5594 786CTP2 248 6031 249 2026 3811 5599 786CTP2 248 6031 240 2026 3812 5598 786CTP2 248 6031 241 2027 3813 5599 786CTP2 248 6031 242 2028 3814 5500 786CTP2 248 60319 244 2028 3815 5500 786CTP2 248 60319 244 2028 3815 5500 786CTP2 248 60319					784CIP2_222	
222 2008 3794 5580 784CTP2 225 7909 223 2009 3795 5581 784CTP2 225 7909 224 2010 3796 5582 784CTP2 227 7932 224 2010 3796 5582 784CTP2 228 7940 225 2011 3797 5583 784CTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 784CTP2 229 7940 227 2013 3799 5585 784CTP2 230 7994 228 2014 3800 5586 784CTP2 232 8001 229 2015 3801 5587 784CTP2 232 8001 230 2016 3802 5588 784CTP2 232 8001 231 2017 3803 5589 784CTP2 232 8001 245 2017 3803 5589 784CTP2 234 8029 245 2018 3804 5590 784CTP2 234 8029 255 2018 3804 5590 784CTP2 235 8033 257 258 2018 3805 5581 784CTP2 236 8039 258 2019 3805 5591 784CTP2 236 8039 259 2015 3801 5591 784CTP2 236 8039 259 2015 3805 5591 784CTP2 236 8039 259 2015 3805 5591 784CTP2 236 8039 259 2015 3805 5591 784CTP2 236 8035 259 2021 3809 5593 784CTP2 248 8039 259 2021 3809 5593 784CTP2 248 8035 259 2021 3809 5593 784CTP2 248 8035 249 2025 3811 5599 784CTP2 241 8115 240 2026 3812 5599 784CTP2 241 8115 240 2026 3812 5599 784CTP2 241 8115 241 2027 3813 5599 784CTP2 242 8139 243 2028 3814 5500 784CTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2030 3815 5501 784CTP2 246 8159 246 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159					784 CIP2_223	
223 2009 3795 5581 784CTP2 226 7517 224 2010 3796 5582 784CTP2 227 7592 225 2011 3797 5583 784CTP2 229 7502 226 2012 3798 5583 784CTP2 229 7540 227 2013 3799 5585 784CTP2 229 7540 227 2013 3799 5585 784CTP2 231 7594 228 2014 3800 5586 784CTP2 231 7594 230 2016 3800 5586 784CTP2 231 7594 231 2017 3801 5588 784CTP2 231 8001 232 2016 3804 5590 784CTP2 234 8013 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8013 231 2019 3805 5591 784CTP2 238 8031 234 2020 3806 5592 784CTP2 238 8036 234 2020 3806 5592 784CTP2 238 8036 235 2041 3807 5593 784CTP2 238 8036 236 2022 3808 5594 784CTP2 238 8036 237 2033 3809 5594 784CTP2 238 8036 239 2002 3806 5592 784CTP2 238 8036 239 2002 3806 5592 784CTP2 238 8036 239 2002 3808 5594 784CTP2 238 8036 239 2002 3808 5594 784CTP2 248 8036 239 2003 3810 5596 784CTP2 248 8013 248 2028 3810 5596 784CTP2 248 8013 249 2028 3811 5596 784CTP2 241 8012 241 2027 3813 5596 784CTP2 244 8032 242 2028 3814 5590 784CTP2 244 8032 243 2029 3815 5590 784CTP2 244 8032 244 2028 3814 5590 784CTP2 244 8032 245 2028 3815 5590 784CTP2 244 8032 246 2028 3815 5590 784CTP2 244 8032 247 3028 3815 5590 784CTP2 244 8032 248 2028 3815 5590 784CTP2 244 8032 249 2028 3815 5590 784CTP2 244 8035						
224 2010 3796 5582 78aCTP2 227 7592 225 2051 3797 5583 78aCTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 78aCTP2 228 7940 227 2013 3799 5585 78aCTP2 230 7944 228 2014 3800 5586 78aCTP2 230 2016 229 2015 3801 5586 78aCTP2 232 8001 230 2016 3802 5588 78aCTP2 232 8001 231 2017 3803 5589 78aCTP2 232 8001 232 2016 3802 5588 78aCTP2 232 8002 233 2016 3804 5590 78aCTP2 234 8029 234 2020 3804 5590 78aCTP2 234 8029 235 2017 3803 5591 78aCTP2 236 8033 244 2020 3806 5592 78aCTP2 236 8033 244 2020 3806 5592 78aCTP2 237 8052 237 2021 3809 5593 78aCTP2 237 8052 238 2024 3806 5592 78aCTP2 237 8052 248 2020 3806 5592 78aCTP2 238 8036 2592 2592 2015 3801 5595 78aCTP2 237 8052 249 2020 3806 5592 78aCTP2 237 8052 240 2020 3806 5592 78aCTP2 238 8036 2592 2592 2021 3809 5593 78aCTP2 248 8036 249 2026 3811 5599 78aCTP2 241 8135 240 2026 3812 5598 78aCTP2 241 8135 240 2026 3812 5599 78aCTP2 242 8132 240 2026 3812 5599 78aCTP2 242 8132 243 2028 3814 5500 78aCTP2 246 8137 243 2028 3814 5500 78aCTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 78aCTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 78aCTP2 246 8159 244 2028 3815 5501 78aCTP2 246 8159						
225 201.1 3797 5583 784CTP2 228 7940 226 2012 3798 5584 784CTP2 228 7940 227 2013 3799 5585 784CTP2 231 7994 228 2014 3800 5586 784CTP2 231 7994 229 2015 3801 5586 784CTP2 231 7994 230 2016 3802 5588 784CTP2 231 8021 231 2017 3803 5586 784CTP2 233 8021 232 2018 3804 5589 784CTP2 233 8021 232 2018 3804 5599 784CTP2 233 8022 232 2018 3804 5599 784CTP2 236 8030 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8040 234 2020 3806 5592 784CTP2 236 8040 237 2021 3807 5593 784CTP2 238 8056 239 2001 3807 5593 784CTP2 238 8056 239 2001 3807 5593 784CTP2 238 8056 239 2002 3809 5594 784CTP2 238 8056 239 2003 3809 5595 784CTP2 248 8137 240 2020 3806 5594 784CTP2 248 8137 240 2021 3809 5595 784CTP2 248 8136 249 2022 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 241 8136 240 2026 3813 5599 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 246 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159						
226 2012 3798 5584 78aCrtp2 229 7940 227 2013 3799 5585 78aCrtp2 230 7954 228 2014 3800 5586 78aCrtp2 231 7954 228 2015 3801 5586 78aCrtp2 232 8001 233 2016 3802 5586 78aCrtp2 232 8001 233 2016 3802 5586 78aCrtp2 232 8002 233 2016 3802 5586 78aCrtp2 232 8022 233 2016 3802 5586 78aCrtp2 233 8022 234 205 3804 5591 78aCrtp2 234 8023 235 2016 5807 5591 78aCrtp2 237 8033 237 2018 3807 5591 78aCrtp2 337 8033 238 2022 3806 5592 78aCrtp2 241 8126 239 2022 3809 5594 78aCrtp2 241 8126 239 2025 3811 5599 78aCrtp2 241 8126 240 2026 3812 5598 78aCrtp2 241 8126 240 2026 3812 5598 78aCrtp2 241 8126 240 2026 3812 5599 78aCrtp2 241 8126 240 2026 3812 5599 78aCrtp2 241 8126 240 2026 3812 5599 78aCrtp2 242 8132 240 2026 3812 5599 78aCrtp2 242 8132 241 2027 3813 5599 78aCrtp2 242 8137 242 2028 3814 5500 78aCrtp2 246 8139 243 2029 3815 5501 78aCrtp2 246 8139 244 2028 3815 5501 78aCrtp2 246 8159 244 2028 3815 5501 78aCrtp2 246 8159 244 2029 3815 5501 78aCrtp2 246 8159					784C1P2_227	
227 2013 3799 5585 784CTP2 230 7984 228 2014 3800 5586 784CTP2 230 7984 229 2015 3801 5586 784CTP2 232 8605 230 2016 3802 5587 784CTP2 233 8021 231 2017 3803 5589 784CTP2 232 8022 232 2018 3804 5599 784CTP2 234 8029 233 2019 3805 5599 784CTP2 236 8030 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8040 234 2020 3806 5592 784CTP2 236 8040 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8056 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8056 237 2022 3808 5594 784CTP2 238 8056 237 2023 3809 5595 784CTP2 248 8137 248 2020 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 241 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5509 784CTP2 243 8137 244 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 244 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 244 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 243 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159					704CIP2_228	
228 2014 3800 5586 784CTP2 231 7594 229 2015 3801 5586 784CTP2 231 7594 230 2016 3802 5588 784CTP2 232 8005 230 2016 3802 5588 784CTP2 234 8029 231 2017 3801 5589 784CTP2 234 8029 232 2018 3804 55590 784CTP2 235 8033 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8030 234 2020 3806 5592 784CTP2 237 8052 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8036 236 2022 3808 5594 784CTP2 238 8056 236 2022 3808 5594 784CTP2 248 8013 249 2026 3811 5598 784CTP2 248 8113 240 2026 3812 5598 784CTP2 248 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 248 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 248 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 248 8137 243 2028 3815 5501 784CTP2 248 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 248 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 248 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 248 8159					784CTP2 229	
229 2015 3860 5587 784CTP2 232 8501 230 2016 3802 5588 784CTP2 232 8502 233 5021 3800 5588 784CTP2 234 8029 232 2017 3800 5588 784CTP2 234 8029 232 2018 3804 5590 784CTP2 234 8029 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8504 8504 234 2020 3806 5592 784CTP2 236 8504 8502 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8036 235 237 2022 3808 5594 784CTP2 238 8036 237 2022 3809 5594 784CTP2 238 8036 237 2023 3809 5595 784CTP2 241 8126 237 2025 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5509 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 242 2028 3815 5501 784CTP2 244 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 244 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 246 2029 3815 5501 784CTP2 247 8161						
230 2016 3802 5588 784CTP2 233 8021 231 2017 3801 5589 784CTP2 234 8029 232 2018 3804 55590 784CTP2 235 8033 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8030 234 2020 3806 5592 784CTP2 236 8030 234 2020 3806 5592 784CTP2 237 8052 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8036 235 2022 3808 5594 784CTP2 238 8036 237 2033 3805 5594 784CTP2 236 8036 237 2033 3805 5595 784CTP2 240 8113 239 2035 3811 5598 784CTP2 240 8113 240 2025 3813 5598 784CTP2 241 8126 240 2026 3813 5598 784CTP2 242 8126 241 2027 3813 5598 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5509 784CTP2 244 8137 243 2028 3815 5500 784CTP2 244 8137 244 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 243 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 245 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 246 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 247 2038 3815 5500 784CTP2 246 8159						
231 2017 3801 5588 784CTP2 234 8029 232 2018 3804 5590 784CTP2 235 8033 233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8040 234 2020 3806 5592 784CTP2 236 8040 235 2021 3807 5593 784CTP2 239 8095 235 2021 3807 5593 784CTP2 239 8095 237 2022 3808 5594 784CTP2 239 8095 237 2023 3809 5595 784CTP2 239 8132 238 2024 3810 5595 784CTP2 241 8126 239 2025 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 241 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 243 8137 243 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159					784CTP2 233	
232 2016 3804 5590 784CTP2 235 8033 233 2019 3805 5591 784CTP2 235 8032 234 2020 3806 5592 784CTP2 237 8052 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8036 235 2021 3807 5593 784CTP2 238 8036 235 2022 3808 5594 784CTP2 238 8036 237 2033 3805 5594 784CTP2 240 8133 230 2023 3808 5594 784CTP2 240 8133 230 2023 3805 5595 784CTP2 240 8133 230 2025 3815 5596 784CTP2 241 8126 240 2026 3813 5598 784CTP2 241 8137 241 2027 3813 5598 784CTP2 244 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8131 243 2028 3815 5500 784CTP2 244 8159 244 2028 3815 5500 784CTP2 244 8159 245 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 246 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 247 2038 3815 5500 784CTP2 246 8159					784CTP2 234	
233 2019 3805 5591 784CTP2 236 8040 2234 2020 3806 5592 784CTP2 237 8052 225 2021 3807 5593 784CTP2 238 8055 225 2021 3807 5593 784CTP2 238 8055 237 2022 3808 5594 784CTP2 239 8056 237 2022 3809 5595 784CTP2 240 8113 238 2025 3811 5595 784CTP2 241 8126 240 2025 3811 5597 784CTP2 242 8132 240 2025 3811 5597 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 243 8137 242 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 243 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 243 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 248 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 248 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159 248 2029 3815 5501 784CTP2 247 8161						
234 2020 3806 5592 784CTP2 237 8052 235 2021 3807 5593 784CTP2 237 8052 236 2022 3808 5594 784CTP2 239 8056 237 2023 3809 5595 784CTP2 240 8113 238 7024 3810 5596 784CTP2 241 8116 239 2025 3811 5597 784CTP2 241 8126 240 2026 3812 5598 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 245 8159 243 2029 3815 5501 784CTP2 245 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 245 8159 244 2028 3815 5501 784CTP2 245 8159						
235 2021 3807 5593 784CTP2 228 8036 236 2022 3808 5594 784CTP2 239 8036 237 2023 3809 5595 784CTP2 240 8133 238 2024 3810 5595 784CTP2 240 8132 239 2025 3811 5597 784CTP2 243 8136 240 2026 3812 5598 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 244 8137 243 2028 3815 5500 784CTP2 246 8159 243 2028 3815 5501 784CTP2 246 8159 244 2029 3815 5501 784CTP2 246 8159						
236 2022 3809 5594 78c(TP2_239 8056 237 2021 3809 5595 78a(TP2_241 8136 238 2024 3810 5596 78a(TP2_241 8136 239 2025 3811 5597 78a(TP2_242 8132 240 2026 3812 5598 78a(TP2_243 8137 241 2027 3813 5599 78a(TP2_243 8137 242 2028 3814 5500 78a(TP2_245 8137 243 2028 3815 5501 78a(TP2_246 8159 244 2030 3815 5501 78a(TP2_246 8159 244 2030 3815 5602 78a(TP2_247 8161	235	2021			784CIP2 238	
237 2023 3809 5595 784CTP2 240 8113 238 2024 3810 5596 784CTP2 241 8126 239 2025 3811 5597 784CTP2 242 8132 240 2026 3812 5598 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5599 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5509 784CTP2 246 8137 243 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 243 2029 3815 5500 784CTP2 246 8159 244 2030 3815 5500 784CTP2 247 8161	236	2022	3808		784CIP2 239	
238 2024 3810 5596 784CTP2 241 8126 239 2025 3611 55597 784CTP2 242 8132 240 2026 3812 5559 784CTP2 243 8137 241 2027 3813 5559 784CTP2 243 8137 242 2028 3814 5500 784CTP2 245 8135 243 2029 3815 5501 784CTP2 245 8159 244 2030 3815 5501 784CTP2 247 8161		2023	3809		784CIP2 240	
239         2005         3811         5597         78aCTP2         242         8132           240         2026         3812         5598         78aCTP2         243         6137           241         2027         3813         5599         78aCTP2         244         8137           242         2028         3814         5500         78aCTP2         246         8159           243         2029         3815         5501         78aCTP2         246         8159           244         2010         3816         5502         78aCTP2         247         8161			3810	5596		8126
240         2026         3812         5598         784CTP2_243         8137           241         2027         3813         5599         784CTP2_245         8137           242         2028         3814         5500         784CTP2_245         8159           243         2028         3815         5501         784CTP2_246         8159           244         2030         3815         5501         784CTP2_247         8161			3811			
761 2027 3813 5599 784CTP2 724 5137 242 2028 3814 5500 784CTP2 424 5135 243 2028 3815 5501 784CTP2 426 8159 244 2020 3815 5501 784CTP2 426 8159 244 2030 3815 5502 784CTP2 247 8161			3812	5598		8137
242         2028         3814         5600         784CIP2_245         8159           243         2029         3815         5601         784CIP2_246         8159           244         2030         3816         5602         784CIP2_247         8161		2027	3813	5599		
243 2029 3815 5601 784CIP2 246 8159 244 2030 3816 5602 784CIP2 247 8161				5600	784CIP2 245	
244 2030 3816 5602 784CIP2_247 8161					784CIP2_246	
245 2031 3817 5603 784CIP2_248 8176						
	245	2031	3817	5603	784CIP2_248	8176

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	No:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding '	U.S.S.N.
nucleotide	length	seguence	peptide	SEQ ID NO: in	09/438,725
sequence	peptide	į.	sequence	priority	
246	sequence	3818		application	
247	2032	3818	5604	784CIP2_249	8196
248	2033	3819 3820	5605	784CIP2_250	8200
248	2034	3820	5606	784CIP2_251	8212
250	2035	3821	5607	784CIP2_252	8220
251	2036	3822	5608	784CIP2_253	8238
252	2037	3823	5609	784CIP2_254	8254
253	2039		5610	784CIP2_255	8255
253	2039	3825 3826	5611 5612	784CIP2_256	8288
255	2041	3825		784CIP2_257	8296
256	2041	3828	5613 5614	784CIP2_258	8329
257	2042	3829	5615	784CIP2_259	8362
258	2043	3830	5616	784CIP2_260	8429
259	2044	3830	5617	784CIP2_261	8436
260	2045	3832	5618	784CIP2_262 784CIP2_263	8448
261	2047	3833	5619	784CIP2_263	8472 8502
262	2048	3834	5620		8502
263	2049	3835	5621	784CIP2_265 784CIP2_266	8504
264	2050	3836	5622	784CIP2_266 784CIP2_268	8509
265	2051	3837	5623	784CIP2_268	8515
266	2052	3838	5624	784C1P2_269	8515
267	2052	3839	5625	784CIP2_270 784CIP2_271	8519
268	2054	3840	5626	784CIP2_271	8532
269	2055	3841	5627	784CIP2_272	8532
270	2056	3842	5628	784CIP2_273	8539
271	2057	3843	5629	784CIP2_274	8541
272	2058	3844	5630	784CIP2 276	8543
273	2059	3845	5631	784CIP2_277	8593
274	2060	3846	5632	784CIP2_278	8595
275	2061	3847	5633	784CIP2 279	8615
276	2062	3848	5634	784CIP2 280	8620
277	2063	3849	5635	784CIP2 281	8621
278	2064	3850	5636	784CTP2 282	8623
279	2065	3851	5637	784CIP2_283 784CIP2_284	8625
280	2066	3852	5638	784CTP2 284	8628
281	2067	3853	5639	784CIP2 285	8628
282	2068	3854	5640	784CIP2 286	8629
283	2069	3 8 5 5	5641	784CIP2 287	8630
284	2070	3856	5642	784CIP2 288	8631
285	2071	3857	5643	784CIP2_289 784CIP2_290	8633
286	2072	3858	5644	784CIP2 290	8634
287	2073	3859	5645	784CIP2 291	8635
288	2074	3860	5646	784CIP2_292	8636
289	2075	3861	5647	784CIP2_293	8659
290	2076	3862	5648	784CIP2_294	8660
291	2077	3863	5649	784CIP2 295	8667
292	2078	3864	5650	784CIP2_296	8667
293	2079	3865	5651	784CIP2_297	8685
294	2080	3866	5652	784CIP2_298	8805
295	2081	3867	5653	784CIP2_299	8896
296	2082	3868	5654	784CIP2_300	8978
297	2083	3869	5655	784CIP2_301	9046
298	2084	3870	5656	784CIP2_302	9048
299	2085	3871	5657	784CIP2_303	9116
300	2086	3872	5658	784CIP2_304	9195
301	2087	3873	5659	784CIP2_305	9201
302	2088	3874	5660	784CIP2_306	9307
303	2089	3875	5661	784CIP2_307	9321
304	2090	3876	5662	784CIP2_308	9397
305			5663	784CIP2 309	9405
	2091	3877			
306 307	2091 2092 2093	3877 3878 3879	5664 5665	784CIP2_310 784CIP2_310 784CIP2_311	9406 9422

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length nucleotide	full- length	nucleotide sequence	of contig peptide	corresponding SEO ID NO: in	U.S.S.N.
sequence	peptide	sequence	sequence	priority	09/488,72
acquence	sequence		sequence	application	
308	2094	3880	5666	784CIP2_312	9494
309	2095	3881	5667	784CIP2 313	9512
310	2096	3882	5668	784CIP2 314	9632
311	2097	3883	5669	784CIP2_315	9661
312	2098	3884	5670	784CIP2_316	9664
313	2099	3885	5671	784CIP2_317	9691
314	2100	3886	5672	784CIP2_318	9700
315 316	2101	3887	5673 5674	784CIP2_319	9716
317	2102	3889	5675	784CIP2_320 784CIP2_321	9721 9870
318	2103	3890	5676	784CIP2_321 784CIP2_322	9870
319	2105	3891	5677	784CIP2_322 784CIP2_323	9923
320	2106	3892	5678	784CIP2_324	9938
321	2107	3893	5679	784CIP2_325	9964
322	2108	3894	5680	784CIP2 326	10007
323	2109	3895	5681	784CIP2 327	10009
324	2110	3896	5682	784CIP2_328	10046
325	2111	3897	5683	784CIP2_329	10156
326	2112	3898	5684	784CIP2_330	10276
327	2113	3899	5685	784CIP2_331	10283
328	2114	3900	5686	784CIP2B_1	152
329 330	2115	3901	5687	784CIP2B_2	167
331	2116	3902 3903	5688 5689	784CIP2B_3 784CIP2B_4	205
332	2117	3904	5690	784CIP2B 5	210
333	2119	3905	5691	784CIP2B_6	225
334	2120	3906	5692	784CIF2B 7	264
335	2121	3907	5693	784CIP2B 8	268
336	2122	3908	5694	784CIP2B 9	293
337	2123	3909	5695	784CIP2B 10	293
338	2124	3910	5696	784CIP2B_11	293
339	2125	3911	5697	784CIP2B_12	302
340	2126	3912	5698	784CIP2B_13	311
341 342	2127	3913	5699	784CIP2B_14	352
343	2128 2129	3914 3915	5700 5701	784CIP2B_15 784CIP2B 16	358
344	2130	3916	5702	784CIP2B 16	368
345	2131	3917	5703	784CIP2B_17	477
346	2132	3918	5704	784CIP2B 19	508
347	2133	3919	5705	784CIP2B 20	508
348	2134	3920	5706	784CIP2B 21	515
349	2135	3921	5707	784CIP2B_22	578
350	2136	3922	5708	784CIP2B_23	588
351	2137	3923	5709	784CIP2B_24	591
352 353	2138	3924	5710	784CIP2B_25	593
353	2139 2140	3 9 2 5 3 9 2 6	5711	784CIP2B_26	594
354	2140	3925	5712 5713	784CIP2B_27 784CIP2B_28	619 620
356	2141	3927 3928	5713	784CIP2B_28 784CIP2B_29	620
357	2142	3928	5715	784CIP2B_29 784CIP2B 30	692
358	2144	3930	5716	784CIP2B 31	753
359	2145	3931	5717	784CIP2B 32	758
360	2146	3932	5718	784CIP2B 33	787
361	2147	3933	5719	784CIP2B 34	833
362	2148	3934	5720	784CIP2B 35	638
363	2149	3935	5721	784CIP2B_36	870
364	2150	3936	5722	784CIP2B_37	891
365	2151	3937	5723	784CIP2B_38	891
366 367	2152	3938	5724	784CIP2B 39	921
367 368	2153	3939	5725	784CIP2B_40	924
369	2154	3940 3941	5726 5727	784CIP2B_41 784CIP2B_42	932 942

SEQ ID NO: of full-	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
or rull- length	NO: of full-	of contig nucleotide	NO:	docket number_	No:in
nucleotide	length	sequence	of contig	corresponding SEQ ID NO: in	U.S.S.N. 09/488,72
sequence	pept.ide	bequeites	sequence	priority	09/488,72
	sequence	1	quence	application	1
370	2156	3942	5728	784CIP2B 43	958
371	2157	3943	5729	784CIP2B_44	968
372	2158	3944	5730	784 CIP2B_45	992
373	2159	3945	5731	784CIP2B_46	1025
374 375	2160	3946	5732	784CIP2B_47	1074
375	2161 2162	3947	5733	784CIP2B_48	1104
377	2162	3948 3949	5734 5735	784CIP2B 49 784CIP2B 50	1114
378	2164	3950	5736	784CIP2B_50	1144
379	2165	3951	5737	784CIP2B_51	1318
380	2166	3952	5738	784CIP2B 53	1319
381	2167	3953	5739	784CIP2B 54	1328
382	2168	3954	5740	784CIP2B 55	1436
383	2169	3955	5741	784CIP2B 56	1464
384	2170	3956	5742	784CIP2B 57	1584
385	2171	3957	5743	784CIP2B_58	1617
386	2172	3958	5744	784CIP2B_59	1724
387	2173	3959	5745	784CIP2B_60	1728
388		3960	5746	784CIP2B_61	1772
389	2175	3961 3962	5747 5748	784CIP2B_62	1809
391	2177	3963	5749	784CIP2B_63 784CIP2B_64	1868
392	2178	3964	5750	784CIP2B_64 784CIP2B_65	1926
393	2179	3965	5751	784CTP2B 66	1965
394	2180	3966	5752	784CIP2B 67	1967
395	2181	3967	5753	784CIP2B 68	1995
396	2182	3968	5754	784CIP2B 69	2005.
397	2183	3969	5755	784CIP2B_70	2027
398	2184	3970	5756	784CIP2B_71	2055
399	2185	3971	- 5757	784CIP2B_72	2103
400	2186	3972	5758	784CIP2B_73	2106
401	2187	3 9 7 3	5759 5760	784CIP2B_74	2166
403	2189	3974	5761	784CIP2B_75 784CIP2B_76	2175 2176
404	2190	3976	5762	784CIP2B 78	2236
405	2191	3977	5763	784CIP2B_70	2250
406	2192	3978	5764	784CIP2B 80	2300
407	2193	3979	- 5765	784CIP2B 81	2323
408	2194	3980	5766	784CIP2B 82	2340
409	2195	3981	5767	784CIP2B_83	2371
410	2196	3982	5768	784CIP2B_84	2399
411	2197	3983	5769	784CIP2B_85	2411
413	2198	3984	5770	784CIP2B_86	2428
414	2200	3985	5771 5772	784CIP2B_87 784CIP2B 88	2430
415	2200	3986	5772	784CIP2B_88 784CIP2B_89	2439
416	2202	3988	5774	784CIP2B_89	2447
417	2203	3989	5775	784CIP2B 91	2487
418	2204	3990	5776	784CIP2B 92	2492
419	2205	3991	5777	784CIP2B 93	2512
420	2206	3992	5778	784CIP2B 94	2564
421	2207	3993	5779	784CIP2B_95	2678
422	2208	3994	5780	784CIP2B_96	2816
423	2209	3995	5781	784CIP2B_97	2818
424	2210	3996	5782	784CIP2B_98	2819
	2211	3997	5783	784CIP2B_99	2943
426	2212 2213	3998	5784	784CIP2B_100	3137
428	2213	3999 4000	5785 5786	784CIP2B_101 784CIP2B_102	3137 3160
429	2214	4000	5786	784CIP2B_102 784CIP2B_103	3160
430	2216	4001	5788	784CIP2B_103 784CIP2B_104	3323
431	2217	4003	5789	784CIP2B 105	3362

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	No:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide		sequence	priority	
	sequence			application	
432	2218	4004	5790	784CIP2B 106	341.7
433	2219	4005	5791	784CIP2B 107	3418
434	2220	4006	5792	784CIP2B 108	3442
435	2221	4007	5793	784CIP2B 109	3442
436	2222	4008	5794	784CIP2B 110	3444
437	2223	4009	5795	784CIP2B 111	3855
438	2224	4010	5796	784CIP2B 112	3853
439	2225	4011	5797	784CIP2B 113	4090
440	2226	4012	5798	784CIP2B_113	4105
441	2227	4013	5799	784CIP2B_114 784CIP2B_115	
442	2228	4013	5800		4142
				784CIP2B_116	4142
443	2229	4015	5801	784CIP2B_117	4149
444	2230	4016	5802	784CIP2B_118	4196
445	2231	4017	5803	784CIP2B_119	4202
446	2232	4018	5804	784CIP2B_120	4274
447	2233	4019	5805	784CIP2B_121	4304
448	2234	4020	5806	784CIP2B_122	4306
449	2235	4021	5807	784CIP2B_123	4311
450	2236	4022	5808	784CIP2B 124	4321
451	2237	4023	5809	784CIP2B_125	4323
452	2238	4024	5810	784CIP2B 126	4332
453	2239	4025	5811	784CIP2B 127	4488
454	2240	4026	5812	784CIP2B 128	4588
455	2241	4027	5813	784CIP2B 129	5569
456	2242	4028	5834	784CIP2B_123	5573
457	2243	4029	5815		
458	2243			784CIP2B_131	5577
		4030	5816	784CIP2B 132	5579
459	2245	4031	5817	784CIP2B_133	5582
460	2246	4032	5818	784CIP2B_134	5583
461	2247	4033	5819	784CIP2B_135	5584
462	2248	4034	5820	784CIP2B_136	5585
463	2249	4035	5821	784CIP2B_137	5591
464	2250	4036	5822	784CIP2B_138	5593
465	2251	4037	5823	784CIP2B 139	5594
466	2252	4038	5824	784CIP2B 140	5594
467	2253	4039	5825	784CIP2B 141	5598
468	2254	4040	5826	784CIP2B 142	5602
469	2255	4041	5827	784CIP2B 143	5605
470	2256	4042	5828	784CIP2B 144	5608
471	2257	4043	5829	784CIP2B 145	5617
472	2258	4044	5830	784CIP2B 146	5620
473	2259	4045	5831	784CIP2B_147	5622
474	2260	4046	5832	784CIP2B_147	5623
475	2261	4047	5833	784CIP2B 149	5624
476	2262	4048	5834	784CIP2B_149 784CIP2B_150	5625
477	2262	4048	5835	784CIP2B_150 784CIP2B 151	5625
477	2264	4049	5835	784CIP2B_151 784CIP2B_152	
478	2264				5628
480		4051	5837	784CIP2B_153	5630
	2266	4052	5838	784CIP2B_154	5632
481	2267	4053	5839	784CIP2B_155	5640
482	2268	4054	5840	784CIP2B_156	5641
483	2269	4055	5841	784CIP2B_157	5643
484	2270	4056	5842	784CIP2B_158	5647
485	2271	4057	5843	784CIP2B_159	5649
486	2272	4058	5844	784CIP2B_160	5658
487	2273	4059	5845	784CIP2B 161	5659
488	2274	4060	5846	784CIP2B_162	5667
489	2275	4061	5847	784CIP2B 163	5672
490	2276	4062	5848	784CIP2B 164	5674
491	2277	4063	5849	784CIP2B 165	5678
492	2278	4064	5850	784CIP2B 166	5680
493	2279	4065	5851	784CIP2B_165	5684
	2012	4000	2027	,04C1F2B_167	2002

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO;	SEO ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/438,725
sequence	peptide		sequence	priority	
494	sequence			application	
	2280	4066	5852	784CIP2B_168	5686
495	2281	4067	5853	784CIP2B_169	5694
497	2282	4068	5854	784CIP2B_170 784CIP2B_171	5698
498	2283	4069	5855 5856	784CIP2B_171	5699
498	2284	4071	5856	784CIP2B_172	5712
500	2286	4072	5858	784CIP2B_173 784CIP2B_174	5719
501	2286	4072	5859	784CIP2B_174	5720
502	2288	4074	5860	784CIP2B_175 784CIP2B_176	5727 5730
503	2289	4075	5861	784CIP2B_176	
504	2290	4076	5862	784CIP2B_177 784CIP2B 178	5734 5738
505	2291	4077	5863	784CIP2B 179	5739
506	2292	4078	5864	784CIP2B 179	5740
507	2293	4079	5865		5744
508	2294	4080	5866	784CIP2B_181 784CIP2B_182	5744
509	2295	4081	5867	784CIP2B 183	5749
510	2296	4082	5868	784CIP2B 184	5750
511	2297	4083	5869	784CIP2B_185	5750
512	2298	4084	5870		5750
513	2299	4085	5871	784CIP2B_186 784CIP2B_187	5761
514	2300	4086	5872	784CIP2B 188	5762
515	2301	4087	5873	784CIP2B 189	5767
516	2302	4088	5874	784CIP2B 190	5773
517	2302	4089	5875	784CIP2B_190	5783
518	2304	4090	5876	784CIP2B 192	5784
519	2305	4091	5877	784CIP2B 193	5788
520	2306	4092	5878	784CIP2B 194	5798
521	2307	4093	5879	784CIP2B 196	5807
522	2308	4094	5880	784CIP2B 197	5818
523	2309	4095	5881	784CIP2B 198	5819
524	2310	4096	5882	784CIP2B_199	5827
525	2311	4097	5883	784CIP2B_200	5828
526	2312	4098	5884	784CIP2B 201	5842
527	2313	4099	5885	784CIP2B 202	5853
528	2314	4100	5886	784CIP2B 203	5861
529	2315	4101	5887	784CIP2B 204	5864
530	2316	4102	5888	784CIP2B 205	5865
531	2317	4103	5889	784CIP2B 206	5871
532	2318	4104	5890	784CIP2B 207	5873
533	2319	4105	5891	784CIP2B 208	5873
534	2320	4106	5892	784CIP2B_209	5875
535	2321	4107	5893	784CIP2B_210	5878
536	2322	4108	5894	784CIP2B 211	5879
537	2323	4109	5895	784CIP2B_212	5880
538	2324	4110	5896	784CIP2B_213	5880
539	2325	4111	5897	784CIP2B_214	5880
540	2326	4112	5898	784CIP2B_215	5880
541	2327	4113	5899	784CIP2B_216	5885
542	2328	4114	5900	784CIP2B_217	5895
543	2329	4115	5901	784CIP2B_218	5898
544	2330	4116	5902	784CIP2B_219	5902
545	2331	4117	5903	784CIP2B_220	5904
546	2332	4118	5904	784CIP2B_221	5918
547	2333	4119	5905	784CIP2B_222	5921
548	2334	4120	5906	784CIP2B_223	5927
549	2335	4121	5907	784CIP2B_224	5932
550	2336	4122	5908	784CIP2B_225	5939
551	2337	4123	5909	784CIP2B_226	5945
552	2338	4124	5910	784CIP2B_227	5946
553	2339	41.25	5911	784CIP2B_228	5947
554 555	2340	4126	5912	784CIP2B_229	5956
555	2341	4127	5913	784CIP2B_230	5967

Of tention   Of	SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEC ID
nucleotide acquence sequence s		NO: of		NO:		
			sequence			09/488,725
SSS	sequence			sequence		ļ
S57   2343						
Section						
Sign					784CIF2B_233	
\$60						
\$61						
\$62						
\$63						
Se4					784CTD2B 230	
\$565   2351   4137   5923   784C172B 241   5958     \$66   2352   4138   5924   784C172B 241   6003     \$67   2353   4139   5925   784C172B 243   6004     \$68   2354   4140   5926   784C172B 243   6004     \$69   2355   4141   5927   784C172B 245   6005     \$69   2355   4141   5927   784C172B 245   6005     \$70   2356   4141   5927   784C172B 245   6005     \$71   2357   4143   5923   784C172B 245   6005     \$71   2357   4143   5923   784C172B 247   6007     \$72   2358   4144   5937   784C172B 247   6007     \$74   2353   4145   5937   784C172B 247   6007     \$74   2353   4145   5937   784C172B 247   6007     \$75   2352   4148   5937   784C172B 247   6007     \$75   2352   4148   5931   784C172B 247   6007     \$75   2352   4148   5931   784C172B 247   6007     \$75   2352   4148   5934   784C172B 247   6007     \$75   2352   4148   5934   784C172B 253   6007     \$75   2352   4148   5934   784C172B 253   6007     \$75   2352   4145   5938   784C172B 253   6004     \$75   2354   4150   5936   784C172B 255   6044     \$75   2352   4151   5937   784C172B 255   6044     \$75   2352   4151   5937   784C172B 255   6044     \$75   2352   4151   5937   784C172B 255   6045     \$80   2356   4152   5938   784C172B 255   6045     \$80   2356   4152   5938   784C172B 256   6048     \$84   2370   4155   5941   784C172B 256   6051     \$84   2370   4155   5941   784C172B 256   6051     \$85   2373   4157   5943   784C172B 256   6050     \$85   2373   4157   5943   784C172B 256   6050     \$85   2373   4155   5943   784C172B 256   6050     \$85   2373   4156   5941   784C172B 256   6050     \$85   2375   4161   5947   784C172B 256   6057     \$85   2375   4161   5947   784C172B 256   6057     \$85   2375   4161   5947   784C172B 256   6057     \$85   2375   4161   5947   784C172B 266   6077     \$85   2375   4161   5947   784C172B 266   6077     \$85   2375   4161   5948   784C172B 277   6163     \$85					784CTD2B 240	
\$66 2352 4138 \$5924 784CTPB_342 6003   \$67 2353 4139 \$5925 784CTPB_342 6004   \$68 2354 1410 \$5926 784CTPB_344 6013   \$68 2354 1410 \$5926 784CTPB_344 6013   \$68 2354 1410 \$5926 784CTPB_344 6013   \$69 2355 4141 \$5920 784CTPB_346 6028   \$770 2356 1412 \$5928 784CTPB_346 6028   \$771 2357 4143 \$5928 784CTPB_346 6028   \$771 2357 4143 \$5928 784CTPB_346 6028   \$772 2359 1414 \$5928 784CTPB_346 6028   \$773 2359 1414 \$5928 784CTPB_351 6033   \$774 2359 1414 \$5931 784CTPB_351 6033   \$775 2361 4177 5593 784CTPB_352 6037   \$775 2361 4177 5593 784CTPB_352 6037   \$776 2362 4149 5593 784CTPB_352 6037   \$787 2363 4149 5593 784CTPB_352 6037   \$787 2364 4150 5593 784CTPB_355 6048   \$789 2365 4151 5593 784CTPB_355 6048   \$789 2365 4151 5593 784CTPB_355 6048   \$789 2365 4151 5593 784CTPB_355 6048   \$789 2365 4151 5593 784CTPB_355 6048   \$780 2366 4152 5593 784CTPB_355 6048   \$780 2366 4152 5593 784CTPB_355 6048   \$781 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$781 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$781 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$781 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$781 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$782 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$783 2369 4155 5593 784CTPB_355 6048   \$784 2370 4156 5594 784CTPB_355 6058   \$785 2371 4150 5594 784CTPB_355 6058   \$785 2371 4150 5594 784CTPB_355 6058   \$787 2373 4155 5594 784CTPB_356 6059   \$788 2371 4157 5593 784CTPB_357 6059   \$788 2371 4150 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2372 4158 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2373 4150 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2373 4150 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2375 4161 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2375 4161 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2375 4161 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2375 4161 5594 784CTPB_357 6059   \$789 2375 4161 5594 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5594 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2376 4165 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2377 4160 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2378 4161 5595 784CTPB_357 6059   \$780 2379 41						
\$67 2353 4139 5525 748CTP2B_243 6004 \$68 2354 4140 5927 788CTP2B_244 6013 \$69 2355 4141 5527 788CTP2B_245 6028 \$70 2356 4141 5527 788CTP2B_245 6028 \$71 2357 4141 5527 788CTP2B_247 6029 \$71 2357 4141 5523 788CTP2B_247 6029 \$71 2357 4141 5523 788CTP2B_247 6029 \$72 2358 4144 5591 788CTP2B_247 6029 \$74 2359 4145 5931 788CTP2B_247 6029 \$75 2352 4145 5931 788CTP2B_247 6029 \$75 2352 4145 5931 788CTP2B_247 6029 \$75 2352 4146 5931 788CTP2B_247 6029 \$75 2352 4147 5931 788CTP2B_257 6031 \$75 2352 4147 5931 788CTP2B_257 6037 \$77 2363 4147 5931 788CTP2B_257 6047 \$77 2363 4159 5935 788CTP2B_257 6047 \$78 2364 4150 5936 788CTP2B_258 6044 \$75 2366 4152 5938 788CTP2B_258 6046 \$78 2366 4152 5938 788CTP2B_257 6049 \$80 2366 4152 5938 788CTP2B_257 6049 \$80 2366 4152 5938 788CTP2B_257 6049 \$81 2367 4155 5931 788CTP2B_258 6051 \$82 2368 4134 5940 788CTP2B_258 6051 \$83 2369 4156 5931 788CTP2B_259 6051 \$84 2370 4156 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2372 4157 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4157 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4157 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4157 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4157 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4158 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2373 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2374 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2375 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2375 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2375 4159 5931 788CTP2B_259 6051 \$85 2375 4159 59						
\$68   2354   4140   5926   784CTPE 244   6013   559   2355   4141   5927   784CTPE 244   6013   570   2356   4142   5920   784CTPE 246   6028   571   2357   4141   5920   784CTPE 246   6028   572   2358   4144   5937   784CTPE 246   6011   572   2358   4144   5937   784CTPE 246   6011   573   2358   4144   5937   784CTPE 246   6011   574   2358   4147   5933   784CTPE 246   6011   575   2351   4147   5933   784CTPE 256   576   2351   4147   5933   784CTPE 251   577   2353   4149   5933   784CTPE 252   577   2353   4149   5933   784CTPE 252   577   2354   4149   5933   784CTPE 252   577   2354   4149   5933   784CTPE 252   578   2354   4149   5935   784CTPE 252   579   2365   4151   5937   784CTPE 255   6046   580   2366   4152   5938   784CTPE 255   6046   581   2367   4153   5939   784CTPE 255   6046   581   2367   4153   5939   784CTPE 256   6048   583   2369   4145   5937   784CTPE 256   6048   584   2370   4153   5930   784CTPE 257   6049   585   2371   4158   5940   784CTPE 257   6059   586   2372   4158   5940   784CTPE 256   6056   587   2373   4159   5943   784CTPE 267   588   2374   4150   5940   784CTPE 267   589   2375   4158   5940   784CTPE 267   589   2375   4158   5940   784CTPE 267   589   2375   4159   5943   784CTPE 267   589   2371   4150   5940   784CTPE 267   589   2372   4158   5940   784CTPE 267   589   2374   4150   5940   784CTPE 267   589   2375   4151   5947   784CTPE 267   589   2376   4164   5950   784CTPE 267   589   2377   4167   5950   784CTPE 267   589   2378   4161   5950   784CTPE 267   589   2379   4167   5950   784CTPE 267   589   2370   4167   5950   784CTPE 277   589   2381   4167   5950   784CTPE 277   580   2380   4170   5950   784CTPE 277   580   596   2380   4170   5950   784CTPE 277   597   2383   4169   5950   784CTPE 277   5	567					
569   2358   4141   5927   784CTP20 245   6028	568	2354	4140	5926	204CTD2D 244	
\$71		2355	4141	5927	784CIP2B 245	
572   2358	570	2356	4142	5928	784CIP2B 246	6028
573   2359	571	2357	4143	5929	784CIP2B_247	6029
\$74						6031
\$75						
\$76			4146	5932		
\$77						
\$78						
\$19						
\$80 2366 4152 5918 784CPP2 257 6049   \$81 2367 4153 5919 784CPP2 257 6049   \$82 2368 4154 5940 784CPP2 258 6051   \$82 2368 4154 5940 784CPP2 258 6051   \$83 2369 4155 5941 784CPP2 258 6051   \$84 2370 4156 5941 784CPP2 259 6053   \$84 2370 4156 5942 784CPP2 260 6060   \$85 2371 4157 5943 784CPP2 262 6066   \$86 2372 4155 5942 784CPP2 262 6066   \$86 2372 4155 5942 784CPP2 262 6066   \$86 2372 4155 5944 784CPP2 262 6067   \$86 2372 4155 5944 784CPP2 262 6067   \$86 2372 4155 5944 784CPP2 262 6067   \$86 2372 4155 5944 784CPP2 266 6079   \$87 2375 4161 5947 784CPP2 266 6079   \$89 2375 4161 5947 784CPP2 266 6079   \$89 2376 4161 5947 784CPP2 266 6079   \$89 2376 4162 5948 784CPP2 266 6077   \$89 2379 4165 5940 784CPP2 266 6077   \$89 2379 4165 5951 784CPP2 266 6077   \$89 2379 4165 5951 784CPP2 269 6079   \$89 2379 4165 5951 784CPP2 269 6079   \$89 2379 4165 5951 784CPP2 269 6079   \$89 238 4164 5950 784CPP2 269 6079   \$89 238 4164 5950 784CPP2 269 6079   \$89 238 4169 5950 784CPP2 274 6094   \$80 238 4169 5950 784CPP2 276 6082   \$80 238 4169 5950 784CPP2 277 6088   \$80 238 4169 5950 784CPP2 277 6088   \$80 238 4169 5950 784CPP2 277 6088   \$80 238 4170 5956 784CPP2 277 6094   \$80 238 4170 5956 784CPP2 277 6194   \$80 238 4170 5956 784CPP2 278 6112   \$80 238 4170 5956 784CPP2 279 6112   \$80 238 4170 5956 784CPP2 279 6112   \$80 238 4170 5956 784CPP2 279 6112   \$80 238 4170 5956 784CPP2 279 6112   \$80 238 4170 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2 279 6112   \$80 239 4175 5956 784CPP2						
\$81 2367 4153 \$893 784CTPB_259 6051 \$82 2368 4154 \$8940 784CTPB_259 6051 \$83 2369 4155 \$941 784CTPB_259 6053 \$84 2370 4155 \$941 784CTPB_259 6053 \$85 2371 4157 \$943 784CTPB_260 6060 \$85 2372 4158 \$942 784CTPB_260 6060 \$86 2372 4158 \$945 784CTPB_261 6063 \$86 2372 4158 \$945 784CTPB_261 6063 \$86 2372 4158 \$945 784CTPB_262 6066 \$86 2374 4150 \$946 784CTPB_263 6067 \$86 2374 4150 \$946 784CTPB_263 6067 \$86 2374 4150 \$946 784CTPB_263 6067 \$87 2373 4159 \$945 784CTPB_263 6067 \$88 2374 4150 \$946 784CTPB_263 6067 \$89 2375 4151 \$947 784CTPB_265 6073 \$89 2376 4161 \$947 784CTPB_265 6073 \$959 2377 4162 \$958 784CTPB_265 6073 \$959 2377 4162 \$958 784CTPB_265 6077 \$959 2477 4162 \$958 784CTPB_265 6077 \$959 2477 4164 \$959 784CTPB_265 6077 \$959 2478 4165 \$952 784CTPB_276 6077 \$959 248 4165 \$952 784CTPB_276 6077 \$959 248 4167 \$958 784CTPB_276 6077 \$959 248 4170 \$956 784CTPB_276 6091 \$959 238 4170 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4170 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4172 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4172 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4172 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4174 \$950 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$958 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_277 6103 \$960 2386 4176 \$959 784CTPB_278 6103 \$960 2387 4178 \$950 784CTPB_278 6103 \$960 2389 4178 \$958 784CTPB_278 6103 \$960 2390 4176 \$950 784CTPB_278 6103 \$960 2391 4178 \$950 784CTPB_288 6133 \$960 2391 4178 \$950 784CTPB_288 6133 \$960 2391 4178 \$950 784CTPB_288 6133 \$960 2391 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_289 6103 \$960 2395 4178 \$950 784CTPB_28						
\$82 2368 4154 5940 784CTPE258 6051   \$83 2369 4155 5941 784CTPE258 6051   \$84 2370 4156 5941 784CTPE259 6055   \$84 2370 4156 5942 784CTPE250 6060   \$85 2371 4157 5943 784CTPE250 6060   \$86 2372 4158 5944 784CTPE256 6060   \$86 2372 4158 5944 784CTPE256 6060   \$86 2372 4158 5945 784CTPE256 6067   \$88 2375 4150 5946 784CTPE254 6068   \$89 2375 4150 5946 784CTPE256 6067   \$89 2375 4150 5946 784CTPE256 6079   \$89 2376 4163 5946 784CTPE256 6077   \$99 2378 4165 5946 784CTPE256 6077   \$99 2478 4166 5950 784CTPE256 6077   \$99 2481 4167 5953 784CTPE277 6082   \$99 2481 4167 5953 784CTPE277 6082   \$99 2481 4167 5953 784CTPE277 6082   \$99 2481 4167 5955 784CTPE277 6082   \$99 2481 4170 5956 784CTPE277 6092   \$99 2486 4170 5956 784CTPE277 6104   \$90 2486 41					784CIP2B_256	
\$33 2369 4155 \$941 784CTPD 259 6055 \$34 2370 4156 \$352 784CTPD 259 6055 \$355 2371 4157 5943 784CTPD 250 6056 6050 \$355 2371 4157 5943 784CTPD 261 6063 \$355 2371 4157 5943 784CTPD 261 6063 \$356 2372 4158 3594 784CTPD 261 6063 \$356 2372 4158 3594 784CTPD 262 6066 \$356 2372 4158 5955 784CTPD 262 6066 \$356 2372 4155 5945 784CTPD 263 6067 \$356 2375 4151 5947 784CTPD 265 6073 \$359 2375 4151 5947 784CTPD 265 6073 \$359 2375 4151 5947 784CTPD 265 6075 \$350 2376 4152 5948 784CTPD 265 6076 \$677 6079 2375 4150 5945 784CTPD 275 6077 6077 6077 6077 6077 6077 6077 60						
\$84						
\$88   2371						
\$86						
\$87 2373 41559 5945 784CTPE 262 6067 888 2374 4150 5946 784CTPE 262 6066 78 889 2375 4161 5946 784CTPE 262 6068 889 2375 4161 5947 784CTPE 262 6068 6078 889 2375 4161 5947 784CTPE 265 6073 5950 2376 4162 5948 784CTPE 266 6078 6078 5950 784CTPE 266 6078 6078 5951 2377 4163 5949 784CTPE 266 6077 6078 5951 2377 4163 5949 784CTPE 266 6077 6078 5951 2378 4165 5950 784CTPE 266 6077 6078 5951 2379 4165 5951 784CTPE 269 6077 6078 5951 2379 4165 5951 784CTPE 269 6077 6078 5951 2382 4169 5952 784CTPE 277 6079 6079 5956 784CTPE 278 6079 6079 6079 6079 6079 6079 6079 6079					704CIP2B_201	
\$88 2374 4150 5940 784CTP22_265 6068 \$89 2375 1161 5947 784CTP22_265 6073 \$59 2376 4162 5948 784CTP22_265 6073 \$59 2376 4162 5948 784CTP22_266 6076 \$591 2377 4163 5949 784CTP22_266 6077 \$592 2378 4164 5950 784CTP22_266 6077 \$592 2378 4164 5950 784CTP22_266 6077 \$593 2370 4165 5951 784CTP22_267 6076 \$594 2370 4165 5951 784CTP22_277 6078 \$595 2383 4167 5953 784CTP22_277 6098 \$597 2383 4169 5955 784CTP22_277 6098 \$599 2384 4170 5955 784CTP22_277 6104 \$599 2385 4174 5956 784CTP22_277 6104 \$601 2387 4177 5956 784CTP22_277 6105 \$601 2387 4177 5956 784CTP22_278 6103 \$602 2389 4176 5956 784CTP22_278 6103 \$603 2389 4176 5956 784CTP22_278 6103 \$604 2390 4176 5956 784CTP22_278 6103 \$605 2389 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$606 2389 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$607 2389 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$608 2394 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_278 6103 \$609 2395 4178 5960 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5966 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133 \$609 2395 4180 5967 784CTP22_285 6133						
\$89   2375   4161   5547   784C1P21_765   6073     \$590   2376   4162   5548   784C1P21_765   6073     \$591   2377   4163   5548   784C1P21_765   6076     \$591   2377   4163   5549   784C1P21_765   6076     \$592   2378   4164   5559   784C1P21_765   6077     \$593   2379   4165   5551   784C1P21_765   6077     \$593   2379   4165   5551   784C1P21_765   6079     \$594   2380   4166   5552   784C1P21_776   6082     \$595   2381   4167   5553   784C1P21_777   6082     \$595   2381   4167   5553   784C1P21_777   6052     \$596   2382   4168   5594   784C1P21_777   6052     \$597   2384   4169   5594   784C1P21_777   6052     \$597   2384   4179   5595   784C1P21_777   6052     \$598   2384   4171   5595   784C1P21_777   6052     \$600   2386   4172   5595   784C1P21_777   6103     \$601   2387   4178   5595   784C1P21_777   6104     \$602   2388   4174   5596   784C1P21_777   6104     \$603   2389   4175   5595   784C1P21_777   6105     \$604   2330   4176   5595   784C1P21_778   6112     \$605   2391   4177   5593   784C1P21_781   6125     \$606   2392   4178   5596   784C1P21_781   6125     \$607   2391   4179   5595   784C1P21_781   6125     \$608   2394   4180   5966   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5595   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5595   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5595   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5596   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5596   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4178   5596   784C1P21_781   6125     \$609   2395   4180   5596   784C1P21_781   6135     \$611   2397   4181   5597   784C1P21_787   6133     \$614   2400   4186   5577   784C1P21_792   6148     \$615   2401   4187   5571   784C1P21_792   6148     \$616   2402   4188   5571   784C1P21_792   6148     \$616   2402   4188   5574   784C1P21_792   61418     \$616   2402   4188   5574   784C1P21_792   6148     \$616   2402   41						
\$500   2376   4162   \$548   784CTPE2_366   6076     \$591   2377   4163   \$5949   784CTPE2_367   6076     \$592   2378   4164   \$5950   784CTPE2_368   6077     \$592   2378   4164   \$5950   784CTPE2_368   6077     \$593   2379   4165   \$5951   784CTPE2_368   6077     \$594   2380   4166   \$5952   784CTPE2_270   6082     \$594   2380   4166   \$5952   784CTPE2_270   6082     \$595   2382   4169   \$5954   784CTPE2_273   6091     \$596   2382   4168   \$5954   784CTPE2_273   6091     \$596   2384   4170   \$5956   784CTPE2_278   6101     \$596   2384   4170   \$5956   784CTPE2_278   6101     \$600   2386   4172   \$598   784CTPE2_277   6104     \$601   2387   4173   \$5959   784CTPE2_277   6104     \$602   2388   4174   \$595   784CTPE2_277   6104     \$603   2389   4176   \$5957   784CTPE2_279   6112     \$603   2389   4176   \$5957   784CTPE2_279   6112     \$604   2393   4176   \$596   784CTPE2_279   6112     \$605   2393   4176   \$596   784CTPE2_279   6112     \$607   2393   4176   \$596   784CTPE2_279   6112     \$608   2393   4179   \$596   784CTPE2_281   6128     \$609   2395   4181   \$597   784CTPE2_281   6133     \$610   2395   4181   \$596   784CTPE2_288   6133     \$611   2397   4188   \$597   784CTPE2_288   6133     \$611   2399   4188   \$597   784CTPE2_289   6145     \$615   2401   4187   \$597   784CTPE2_299   6145     \$616   2402   2398   4184   \$597   784CTPE2_299   6145     \$615   2401   4187   \$597   784CTPE2_299   6145     \$616   2402   24188   \$5971   784CTPE2_299   6145     \$616   2402   4188   \$5970   784CTPE2_299   6145     \$616   \$6						
591   2377   4163   5949   784CPEP_267   6076						
\$33	591	2377	4163	5949	784CIP2B 267	6076
\$94	592	2378	4164	5950	784CIP2B 268	6077
\$98 2381 4167 \$595 784CDPE272 772 \$788 \$595 2382 4168 \$594 784CDPE273 5595 \$795 2383 4169 \$595 784CDPE273 5695 5995 784CDPE273 5695 5995 784CDPE273 5695 5995 784CDPE273 5695 5995 2385 4170 5995 784CDPE275 56101 5995 5995 2385 4171 5395 784CDPE276 56103 5995 2385 4171 5395 784CDPE276 56103 5995 2385 4171 5395 784CDPE276 56103 5995 2385 4172 5998 784CDPE276 78 6103 5995 784CDPE276 56103 5995 5995 5995 5995 5995 5995 5995 59					784CIP2B_269	
598   2382						
597   2383   4169   5955   784CDP22 274   6794						
\$98 2384 4270 5956 784CTPE2 275 6101  \$599 2385 4171 3595 784CTPE2 276 6103  \$600 2386 4172 5958 784CTPE2 277 6103  \$601 2387 4173 5959 784CTPE2 277 6104  \$601 2387 4173 5959 784CTPE2 279 6103  \$602 2388 4174 5960 784CTPE2 279 6112  \$604 2390 4175 5961 784CTPE2 279 6112  \$604 2390 4176 5961 784CTPE2 281 6125  \$605 2391 4177 5963 784CTPE2 281 6125  \$605 2391 4177 5963 784CTPE2 281 6125  \$606 2393 4178 5964 784CTPE2 283 6128  \$609 2393 4178 5964 784CTPE2 283 6128  \$609 2395 4180 5967 784CTPE2 283 6128  \$609 2395 4180 5967 784CTPE2 285 6139  \$610 2395 4180 5967 784CTPE2 286 6139  \$611 2397 4183 5968 784CTPE2 288 6139  \$611 2397 4183 5969 784CTPE2 288 6139  \$612 2398 4184 5970 784CTPE2 288 6139  \$613 2399 4185 5971 784CTPE2 289 6141  \$614 2400 4186 5972 784CTPE2 299 6145  \$615 2401 4187 5973 784CTPE2 299 6145  \$616 2402 4188 5970 784CTPE2 299 6145  \$616 2402 4188 5970 784CTPE2 299 6145  \$616 2402 4188 5970 784CTPE2 299 6145						
599   288					784CIP2B_274	
\$\begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc					784CIP2B_275	
601 2887 4173 5959 784CH2R2 278 6108 602 2388 4174 5950 784CH2R2 278 6108 603 2889 4175 5960 784CH2R2 279 6112 603 2889 4175 5961 784CH2R2 280 6122 605 2391 4177 5963 784CH2R2 282 6122 605 2391 4177 5963 784CH2R2 282 6126 606 2392 4178 5964 784CH2R2 282 6126 607 2491 4179 5965 784CH2R2 282 6126 607 2491 4179 5965 784CH2R2 283 6128 608 2394 4180 5966 784CH2R2 285 6133 609 2395 4181 5967 784CH2R2 286 6133 610 2396 4182 5968 784CH2R2 286 6133 611 2397 4183 5969 784CH2R2 288 6139 611 2397 4183 5969 784CH2R2 288 6139 612 2398 1184 5970 784CH2R2 288 6139 613 2399 4185 5971 784CH2R2 299 6141 613 2499 4185 5971 784CH2R2 299 6145 614 2400 4186 5972 784CH2R2 299 6145 615 2401 4187 5973 784CH2R2 292 6148 615 2401 4187 5973 784CH2R2 292 6148						
602 2388 4174 5960 784CD22 279 6112 603 2389 4175 5961 784CD22 279 6112 604 2330 4176 5962 784CD22 280 6122 604 2330 4176 5962 784CD22 281 6125 605 2391 4177 5963 784CD22 281 6125 606 2392 4178 5964 784CD22 283 6128 607 2393 4178 5964 784CD22 283 6128 608 2394 4180 5966 784CD22 285 6133 609 2395 4181 5967 784CD22 285 6133 611 2395 4181 5967 784CD22 285 6133 611 2395 4181 5967 784CD22 285 6133 611 2398 4181 5967 784CD22 287 6136 613 2399 4185 5970 784CD22 287 6136 614 2400 4186 5970 784CD22 390 6145 615 2401 4187 5970 784CD22 390 6145 615 2401 4187 5970 784CD22 392 6148						
603 2889 4178 5961 784CTP2U_280 6122 603 2889 4178 5962 784CTP2U_280 6122 605 604 2390 4176 5962 784CTP2U_280 6122 6126 605 2391 4177 5963 784CTP2U_280 6126 6126 605 2392 4178 5964 784CTP2U_280 6126 6126 617 2393 4179 5965 784CTP2U_280 6129 6126 607 2393 4179 5965 784CTP2U_280 6129 6129 6180 628 2394 4180 5966 784CTP2U_280 6133 6120 2395 4181 5967 784CTP2U_280 6133 6120 2396 4182 5968 784CTP2U_280 6133 6120 2396 4182 5968 784CTP2U_280 6133 6120 2396 4182 5968 784CTP2U_280 6133 6120 2396 4182 5968 784CTP2U_280 6133 6120 2399 4185 5970 784CTP2U_280 6134 2399 4185 5970 784CTP2U_280 6145 614 2400 4186 5970 784CTP2U_290 6145 614 2400 4187 5973 784CTP2U_290 6148 615 2401 4187 5973 784CTP2U_290 6148						
604   2390   4176   8562   784CTP2 281   6125   605   2391   4177   8563   784CTP2 281   6126   606   2392   4178   8564   784CTP2 283   6126   607   2393   4178   8564   784CTP2 283   6126   607   2394   4180   8566   784CTP2 285   6128   608   2394   4180   8566   784CTP2 285   6133   610   2395   4181   8567   784CTP2 285   6133   610   2395   4182   8567   784CTP2 287   6133   611   2398   4182   8568   784CTP2 287   6135   612   2398   4183   8569   784CTP2 287   6135   613   2399   4185   8577   784CTP2 297   6145   614   2400   4186   8577   784CTP2 297   6146   615   2401   4187   8577   784CTP2 292   6148   615   2401   4188   8577   784CTP2 292   6148   615   2401   4188   8577   784CTP2 292   6148   615   2402   4188   8574   784CTP2 292   6148						
605 2391 4177 5963 784CTPED 282 6126 656 2392 4178 5964 784CTPED 283 6128 6107 2393 4179 5965 784CTPED 281 6129 607 2493 4179 5965 784CTPED 281 6129 608 2394 4180 5966 784CTPED 285 6133 669 2395 4181 5967 784CTPED 286 6133 610 2396 4182 5968 784CTPED 285 6133 611 2397 4183 5969 784CTPED 288 6133 611 2397 4183 5969 784CTPED 288 6139 612 2398 4184 5970 784CTPED 289 6141 613 2399 4185 5970 784CTPED 299 6141 614 2400 4186 5972 784CTPED 299 6145 614 2400 4186 5972 784CTPED 299 6145 615 2401 4187 5973 784CTPED 292 6148 615 2401 4187 5973 784CTPED 292 6148						
606   2392   4178   5964   784CTP20 283   6128						
607 2491 4179 5965 786CD2D2 281 6129 608 2394 4180 5966 786CD2D 285 6133 609 2395 4181 5967 786CD2D 285 6133 610 2396 4182 5968 786CD2D 285 6133 611 2397 4183 5969 786CD2D 288 6133 611 2397 4183 5969 786CD2D 288 6139 612 2398 4184 5970 786CD2D 289 6141 613 2399 4185 5970 786CD2D 290 6145 614 2400 4185 5970 786CD2D 290 6145 614 2400 4186 5972 786CD2D 290 6145 615 2401 4187 5973 786CD2D 290 6145 615 2401 4187 5973 786CD2D 292 6148 615 2401 4187 5973 786CD2D 292 6148						
608 2394 4180 5966 784CIP2B 285 6133 609 2395 4181 5967 784CIP2B 285 6133 610 2396 4182 5968 784CIP2B 287 6135 611 2397 4183 5969 784CIP2B 288 6139 612 2398 4184 5970 784CIP2B 289 6141 613 2399 4185 5971 784CIP2B 299 6145 614 2400 4186 5972 784CIP2B 290 6145 615 2401 4187 5973 784CIP2B 292 6148 615 2401 4187 5973 784CIP2B 292 6148						
609 2395 4181 5567 784CIDEN 286 6133 610 2396 4182 5568 784CIDEN 287 6135 611 2397 4183 5569 784CIDEN 288 6135 611 2397 4183 5569 784CIDEN 288 6135 612 2398 4184 5970 784CIDEN 289 6141 613 2399 4185 5971 784CIDEN 290 6145 614 2400 4186 5972 784CIDEN 290 6145 615 2401 4187 5973 784CIDEN 292 6148 615 2401 4187 5973 784CIDEN 292 6148 616 2402 4188 5974 784CIDEN 293 6149						
610 2396 4182 5968 784CIPZB 287 6135 611 2397 4183 5959 784CIPZB 288 6139 612 2398 4184 5970 784CIPZB 289 6141 613 2399 4185 5971 784CIPZB 299 6145 614 2400 4186 5972 784CIPZB 291 6146 615 2401 4187 5973 784CIPZB 292 6148 615 2401 4187 5973 784CIPZB 292 6148						
611 2397 4183 3569 784CTP2R 288 6133 612 2398 4184 5970 784CTP2R 289 6141 613 2399 4185 5971 784CTP2R 290 6145 614 2400 4186 5972 784CTP2R 290 6145 615 2401 4187 5973 784CTP2R 291 6146 615 2402 4188 5974 784CTP2R 293 6148						
612 2398 4184 5970 784CTP2B 299 6141 613 2399 4185 5971 784CTP2B 290 6145 614 2400 4186 5972 784CTP2B 291 6146 615 2401 4187 5973 784CTP2B 292 6148 615 2402 4188 5974 784CTP2B 293 6149						
613 2399 4185 5971 786CTP2B 290 6145 614 2400 4186 5972 786CTP2B 291 6146 615 2401 4187 5973 786CTP2B 292 6148 616 2402 4188 5974 786CTP2B 292 6148	612	2398				
614 2400 4186 5972 784CIP2B_291 6146 615 2401 4187 5973 784CIP2B_292 6148 616 2402 4188 5974 784CIP2B_293 6149	613	2399				
615 2401 4187 5973 784CIP2B 292 6148 616 2402 4188 5974 784CIP2B 293 6149				5972	784CIP2B 291	
			4187	5973	784CIP2B_292	6148
617 2403 4189 5975 784CIP2B 294 6149						
	617	2403	4189	5975	784CIP2B_294	6149

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full- length	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length nucleotide	full- length	nucleotide sequence	of contig	corresponding SEQ ID NO: in	U.S.S.N. 09/488.72
equence	peptide	sequence	sequence	priority	09/488, 72
reguence	sequence		sequence	application	
618	2404	4190	5976	784CIP2B 295	6153
619	2405	4191	5977	784CIP2B 296	6159
620	2406	4192	5978	784CIP2B 297	6164
621	2407	4193	5979	784CIP2B 298	6167
622	2408	4194	5980	784CIP2B_299	6172
623	2409	4195	5981	784CIP2B 300	6173
624	2410	4196	5982	784CIP2B_301	6190
625	2411	4197	5983	784CIP2B_302	6194
626	2412	4198	5984	784CIP2B_303	6196
627	2413	4199	5985	784CIP2B_304	6197
628	2414	4200	5986	784CIP2B_305	6198
629	2415	4201	5987	784CIP2B_306	6198
630	2416	4202	5988	784CIP2B_308	6214
631	2417	4203	5989	784CIP2B_309	6215
632 633	2418 2419	4204 4205	5990 5991	784CIP2B_310	6219
633	2419	4205 4206	5991	784CIP2B_311 784CIP2B_312	6226
635	2421	4205	5992	784CIP2B_312 784CIP2B_313	6229 6234
536	2421	4207	5993	784CIP2B_313 784CIP2B_314	6234
637	2423	4209	5995	784CIP2B 315	6238
638	2424	4210	5996	784CIP2B_315	6239
639	2425	4211	5997	784CIP2B 317	6239
640	2426	4212	5998	784CIP2B 318	6239
641	2427	4213	5999	784CIP2B 319	6240
642	2428	4214	6000	784CIP2E 320	6244
643	2429	4215	6001	784CIP2B_321	6245
644	2430	4216	6002	784CIP2B 322	6250
645	2431	4217	6003	784CIP2B 323	6252
646	2432	4218	6004	784CIP2B 324	6252
647	2433	4219	6005	784CIP2B 325	6256
648	2434	4220	5005	784CIP2B_326	6260
649	2435	4221	6007	784CIP2B_327	6261
650	2436	4222	6008	784CIP2B_328	6264
651	2437	4223	6009	784CIP2B_329	6265
652	2438	4224	6010	784CIP2B_330	6266
653	2439	4225	6011	784CIP2B_331	6270
654	2440	4226	6012	784CIP2B_332	6271
655	2441	4227	6013	784.CIP2B_334	6274
656 557	2442 2443	4228	6014	784CIP2B_335	6276
657 658	2443	4229 4230	6015	784CIP2B_336	6281
659	2444	4231	6016	784CIP2B_337	6281 6288
660	2446	4231	6018	784CIP2B_338 784CIP2B 339	6288
661	2445	4232	6019	784CIP2B 339 784CIP2B 340	6294
662	2448	4233	6020	784CIP2B_340 784CIP2B_343	6312
663	2449	4235	6021	784CIP2B_343	6312
664	2450	4236	6022	784CIP2B_345	6312
665	2451	4237	6023	784CIP2B 346	6322
666	2452	4238	6024	784CIP2B 347	6324
667	2453	4239	6025	784CIP2B 349	6329
668	2454	4240	6026	784CIP2B 350	6331
669	2455	4241	6027	784CIP2B 351	6333
670	2456	4242	6028	784CIP2B 352	6334
671	2457	4243	6029	784CIP2B 353	6337
672	2458	4244	6030	784CIP2B 354	6339
673	2459	4245	6031	784CIP2B 355	6346
674	2460	4246	6032	784CIP2B 356	6348
675	2461	4247	6033	784CIP2B_357	6348
676	2462	4248	6034	784CIP2B 358	6350
677	2463	4249	6035	784CIP2B_359	6351
678	2464	4250	6036	784CIP2B_360	6355
579	2465	4251	6037	784CIP2B 361	6362

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide		sequence	priority	
680	sequence	1000		application	
	2466	4252	6038	784CIP2B_362	6368
681	2467 2468	4253 4254	6039	784CIP2B_363	6369
683	2468	4254	6040	784CIP2B_364	6371
684	2470	4255	6041	784CIP2B_365	6376
685	2470	4256	6042 6043	784CIP2B_366	6379
686	2472	4258	6043	784CIP2B_367	6330
687	2473	4259	6045	784CIP2B_368	6381
688	2474	4260	6046	784CIP2B_369 784CIP2B_370	6392 6395
689	2475	4261	6047	784CIP2B 370	
690	2476	4262	6048	784CIP2B 371	6397 6400
691	2477	4263	6049	784CIP2B_372	6401
692	2478	4264	6050	784CIP2B 374	6411
693	2479	4265	6051	784CIP2B_375	6411
694	2480	4265	6052	784CIP2B 376	6411
695	2481	4267	6053	784CIP2B_376	6416
696	2482	4268	6054	784CIP2B 378	6418
697	2433	4269	6055	784CIP2B 379	. 6422
698	2484	4270	6056	784CIP2B_379	6423
699	2485	4271	6057	784CIP2B_381	6426
700	2486	4272	6058	784CIP2B 382	6427
701	2487	4273	6059	784CIP28 383	6428
702	2488	4274	6060	784CIP2B 384	6429
703	2489	4275	6061	784CIP2B 385	6430
704	2490	4276	6062	784CIP2B_386	6432
705	2491	4277	6063	784CIP2B 387	6432
706	2492	4278	6064	784CIP2B 388	6438
707	2493	4279	6065	784CIP2B 389	6441
708	2494	4280	6066	784CIP2B 390	6446
709	2495	4281	6067	784CIP2B_391	6454
710	2496	4282	6068	784CIP2B_392	6459
711	2497	4283	6069	784CIP2B_394	6461
712	2498	4284	6070	784CIP2B_395	6467
713	2499	4285	6071	784CIP2B_396	6468
714	2500	4286	6072	784CIP2B_397	6487
715	2501	4287	6073	784CIP2B_398	6491
716	2502	4288	6074	784CIP2B_399	6506
717	2503	4289	6075	784CIP2B_401	6514
718 719	2504	4290	6076	784CIP2B_402	6519
719	2505	4291	6077	784CIP2B_403	6521
720	2506	4292	6078	784CIP2B_404	6532
721	2507 2508	4293 4294	6079	784CIP2B_405	6536
723	2508	4294	6080 6081	784CIP2B_406	6543
724	2510	4296	6082	784CIP2B_407	6544
725	2511	4296	6083	784CIP2B_408 784CIP2B 409	6548
726	2512	4298	6084		6551 6551
727	2512	4298	6085	784CIP2B_410 784CIP2B_411	6552
728	2514	4300	6086	784CIP2B_411 784CIP2B 412	6554
729	2515	4301	6087	784CIP2B_412 784CIP2B 413	6556
730	2516	4302	6088	784CIP2B_413	6560
731	2517	4303	6089	784CIP2B 414	6563
732	2518	4304	6090	784CIP2B_416	6564
733	2519	4305	6091	784CIP2B 417	6567
734	2520	4306	6092	784CIP2B 418	6573
735	2521	4307	6093	784CIP2B_418	6575
736	2522	4308	6094		6577
737	2523	4309	6095	784CIP2B_420 784CIP2B_421	6593
738	2524	4310	6096	784CIP2B 422	6595
739	2525	4311	6097	784CIP2H 423	6599
740	2526	4312	6098	784CIP2B 424	6625
741	2527	4313	6099	784CIP2B 425	6625

Of conting   C	SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEC ID
Longth		NO: of	of contig	NO:		
nucleotide sequence s		full-	nucleotide	of contiq		
	nucleotide	length	sequence		SEQ ID NO: in	09/488,725
742 2528 4314 5100 784CIPER 426 6626 744 2530 4316 5101 784CIPER 427 6630 744 2530 4316 5101 784CIPER 427 6630 744 2530 4316 5102 784CIPER 428 6631 744 2530 4316 5102 784CIPER 428 6631 746 2531 4317 6103 784CIPER 428 6631 746 2532 4318 6104 784CIPER 439 6633 747 2533 4319 6105 784CIPER 439 6633 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6633 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2334 4320 6106 784CIPER 439 6631 748 2338 4324 6100 784CIPER 439 6631 748 2339 4325 6111 784CIPER 439 6632 749 2540 4326 6112 784CIPER 439 6635 759 2541 4327 6113 784CIPER 439 6635 759 2541 4327 6113 784CIPER 439 6637 759 2541 4329 6113 784CIPER 440 6638 758 2544 4330 6116 784CIPER 440 6638 758 2544 4331 6117 784CIPER 441 6663 758 2544 4331 6117 784CIPER 444 6663 758 2545 4331 6117 784CIPER 444 6663 758 2546 4331 6117 784CIPER 444 6663 758 2546 4331 6117 784CIPER 444 6663 758 2548 4331 6117 784CIPER 444 6663 758 2548 4331 6117 784CIPER 444 6663 759 2549 4338 6116 784CIPER 444 6663 759 2540 4338 6116 784CIPER 444 6663 759 2540 4339 6116 784CIPER 447 6663 759 2541 4331 6117 784CIPER 447 6663 759 2548 4331 6117 784CIPER 448 6663 759 2548 4331 6117 784CIPER 448 6663 759 2549 4338 6118 784CIPER 448 6663 759 2549 4338 6118 784CIPER 448 6663 759 2549 4338 6118 784CIPER 448 6663 759 2549 4338 6122 784CIPER 448 6663 759 2551 4339 6128 784CIPER 458 6693 759 2551 4339 6128 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2551 4341 6139 784CIPER 458 6793 759 2553 43	sequence	peptide		ведчелсе	priority	
743 2539 4318 6.00 784CIPDB_427 6633 744 2530 4316 6.002 784CIPDB_427 6633 6631 744 2531 4317 6.003 784CIPDB_428 6632 6631 745 2531 4317 6.003 784CIPDB_428 6632 6632 746 2532 4318 6.004 784CIPDB_429 6632 6633 747 2633 4315 6.004 784CIPDB_429 6632 6633 747 2633 4315 6.005 784CIPDB_429 6634 748 2534 4320 6.005 784CIPDB_423 6638 6632 748 2535 4321 6.007 784CIPDB_423 6638 6631 748 2535 4321 6.007 784CIPDB_423 6634 6641 748 2535 4321 6.007 784CIPDB_423 6641 748 2535 4321 6.009 784CIPDB_423 6641 748 2535 748			İ		application	
744				6100	784CIP2B 426	6626
744 2530 4316 5102 784CIPEB 428 6631 746 2531 4317 6103 784CIPEB 428 6631 746 2532 4318 6104 784CIPEB 439 6633 747 2533 4319 6105 784CIPEB 430 6633 748 2534 4320 6106 784CIPEB 430 6633 748 2534 4320 6106 784CIPEB 430 6638 748 2534 4320 6106 784CIPEB 433 6641 748 2534 4321 6107 784CIPEB 433 6641 748 2534 4321 6107 784CIPEB 433 6641 749 2535 4321 6107 784CIPEB 433 6641 749 2535 4321 6107 784CIPEB 433 6641 749 2535 4321 6107 784CIPEB 433 6641 749 2536 4324 6110 784CIPEB 433 6657 753 2539 4325 6111 784CIPEB 439 6657 754 2540 4326 6112 784CIPEB 439 6657 755 2541 4327 6113 784CIPEB 430 6657 757 2543 4329 6115 784CIPEB 430 6657 757 2543 4329 6115 784CIPEB 440 6658 757 2540 4331 6117 784CIPEB 441 6663 758 2544 4330 6116 784CIPEB 444 6663 758 2544 4331 6117 784CIPEB 444 6663 758 2545 4331 6117 784CIPEB 446 6665 760 2546 4332 6118 784CIPEB 446 6665 761 2546 4332 6118 784CIPEB 446 6665 762 2547 4338 6118 784CIPEB 446 6665 763 2548 4331 6117 784CIPEB 446 6665 764 2550 4336 6116 784CIPEB 446 6665 765 2551 4337 6118 784CIPEB 446 6665 766 2552 4338 6118 784CIPEB 446 6665 767 2553 4340 6116 784CIPEB 446 6665 768 2554 4331 6117 784CIPEB 446 6665 768 2554 4331 6117 784CIPEB 446 6665 768 2555 4338 6112 784CIPEB 446 6665 768 2555 4338 6122 784CIPEB 446 6665 768 2555 4338 6122 784CIPEB 446 6665 768 2555 4338 6122 784CIPEB 446 6665 769 2555 4334 6128 784CIPEB 456 6673 770 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6673 771 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6673 772 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 773 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 774 2557 4344 6118 784CIPEB 456 6773 775 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 777 2557 4345 6117 784CIPEB 456 6773 778 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 779 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 779 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 779 2556 4344 6118 784CIPEB 456 6773 779 2556 4344 6118 784CIPEB 457 6776 779 2556 4344 6118 784CIPEB 457 6776 779 2557 4345 6117 784CIPEB 457 6776 779 2557 4345 6117 784CIPEB 457 6776 779 2558 4341 6118 784CIPEB 457 6776 779 2558 4356 6118 784CIPEB 457 6775 779 2558 4351 6117 784CIPEB 477 6775 779 2559 43	743	2529	4315	6101	784CIP2B 427	6630
746 2511 4317 6103 784CTPE 429 6612 746 2512 4318 6104 784CTPE 429 6612 747 2513 4319 6105 784CTPE 430 6633 747 2513 4319 6105 784CTPE 431 6634 748 2514 4320 6106 784CTPE 431 6634 748 2515 4321 6107 784CTPE 433 6641 748 2515 4321 6107 784CTPE 433 6641 748 2515 4321 6107 784CTPE 433 6641 748 2515 4321 6107 784CTPE 433 6641 748 2515 4321 6109 784CTPE 433 6641 752 2518 4324 6110 784CTPE 439 6654 753 2519 4326 6112 784CTPE 439 6654 754 2540 4326 6112 784CTPE 439 6657 755 2541 4327 6113 784CTPE 439 6657 756 2542 4328 6114 784CTPE 439 6657 757 2543 4325 6115 784CTPE 440 6658 758 2544 4330 6116 784CTPE 440 6658 758 2544 4330 6116 784CTPE 440 6658 758 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 758 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 757 2543 4329 6112 784CTPE 440 6658 756 2542 4328 6117 784CTPE 440 6658 757 2543 4335 6117 784CTPE 440 6658 758 2544 4330 6116 784CTPE 440 6658 758 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 759 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 759 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 759 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 759 2541 331 6117 784CTPE 440 6658 757 2553 4331 6117 784CTPE 440 6659 758 2554 3335 6117 784CTPE 440 6659 759 2558 4344 6100 784CTPE 447 6667 759 2558 4334 6110 784CTPE 447 6667 759 2558 4334 6110 784CTPE 447 6667 750 2558 4336 6127 784CTPE 447 6667 750 2558 4338 6121 784CTPE 447 6667 759 2558 4338 6121 784CTPE 447 6667 759 2558 4338 6121 784CTPE 447 6667 759 2558 4344 6100 784CTPE 447 6667 759 2558 4344 6100 784CTPE 447 6667 759 2558 4346 6112 784CTPE 450 6699 759 2558 4346 6112 784CTPE 450 6699 759 2558 4346 6112 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6117 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6117 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6117 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6117 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2558 6346 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4345 6110 784CTPE 450 6735 759 2559 4355 6111 784CTPE 450 6735 759 2559 4355 6111 784CTPE 450 6735 7	744	2530	4316	6102	784CTP2B 428	
746	745	2531	4317	6103	784CIP2B 429	
747 2533 4319 6105 784CIPD2 431 6634 748 2534 4320 6106 784CIPD2 432 6638 749 2535 4321 6107 784CIPD2 433 6641 749 2535 4321 6107 784CIPD2 433 6641 750 2536 4322 6108 784CIPD2 433 6644 751 2537 4323 6109 784CIPD2 435 6646 751 2537 4323 6109 784CIPD2 435 6646 752 2538 4324 6110 784CIPD2 437 6645 753 2537 4323 6110 784CIPD2 437 6645 754 2540 4325 6110 784CIPD2 437 6645 755 2542 4328 6110 784CIPD2 437 6657 756 2542 4328 6111 784CIPD2 437 6657 757 2543 4330 6116 784CIPD2 440 6669 759 2544 4330 6116 784CIPD2 440 6669 759 2545 4321 6110 784CIPD2 442 6669 760 2546 4322 6118 784CIPD2 442 6669 761 2547 4333 6110 784CIPD2 446 6669 762 2548 4334 6110 784CIPD2 446 6669 763 2549 4335 6112 784CIPD2 446 6669 764 2550 4356 6122 784CIPD2 446 6669 765 2551 4377 612 784CIPD2 446 6669 766 2554 4331 6110 784CIPD2 446 6669 767 2555 4341 6110 784CIPD2 446 6669 768 2557 4358 6122 784CIPD2 448 6669 769 2558 4351 6127 784CIPD2 448 6669 769 2556 4357 6127 784CIPD2 448 6669 760 2556 4357 6127 784CIPD2 448 6669 761 2557 4358 6127 784CIPD2 448 6669 762 2558 4351 6127 784CIPD2 448 6669 763 2559 4359 6127 784CIPD2 448 6669 764 2550 4356 6122 784CIPD2 448 6669 765 2552 4357 6127 784CIPD2 448 6669 766 2555 4357 6127 784CIPD2 458 6693 767 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 767 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 767 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 767 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 767 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 768 2555 444 130 6127 784CIPD2 458 6693 769 2555 4440 6127 784CIPD2 458 6693 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4344 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4345 6131 784CIPD2 458 673 779 2558 4346 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4346 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4346 6130 784CIPD2 458 673 779 2558 4359 6136 734CIPD2 458 673 779 2558 4359 6136 734CIPD2 458 673 779 2558 4359 6136 734CIPD2 458 673 779 2558 4359 6136 784CIPD2 458 673 779 2558 4359 6136 734CIPD2 458 673 779 2558	746	2532	4318	6104		
748	747	2533	4319	6105	784CTP2B 431	
749 2555 4321 6107 784CIPD1 433 6641 750 2556 4322 6108 784CIPD1 438 6644 751 2537 4323 6109 784CIPD1 435 6646 751 2537 4323 6109 784CIPD1 435 6646 753 2538 4324 6110 784CIPD1 435 6646 753 2539 4325 6111 784CIPD1 437 6652 754 2540 4326 6112 784CIPD1 437 6657 755 2541 4327 6113 784CIPD1 437 6657 756 2541 4327 6113 784CIPD1 437 6657 757 2541 4327 6113 784CIPD1 437 6657 757 2541 4327 6113 784CIPD1 437 6657 758 2541 4327 6113 784CIPD1 437 6657 759 2545 4331 6113 784CIPD1 447 6657 759 2546 4322 6118 784CIPD1 447 6667 750 2546 4322 6118 784CIPD1 448 6669 751 2547 4333 6110 784CIPD1 448 6669 752 2548 4334 6110 784CIPD1 446 6669 753 2549 4335 6122 784CIPD1 446 6669 754 2550 4336 6122 784CIPD1 446 6669 756 2552 4338 6124 784CIPD1 446 6669 757 757 2553 4340 6110 784CIPD1 446 6669 757 758 2551 4340 6110 784CIPD1 446 6669 758 2551 4340 6110 784CIPD1 446 6669 759 2558 4340 6120 784CIPD1 446 6669 759 2558 4340 6120 784CIPD1 446 6669 759 2559 4350 6121 784CIPD1 446 6669 759 2550 4350 6121 784CIPD1 446 6669 757 759 2551 4340 6116 784CIPD1 456 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 456 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 456 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 456 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 457 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 457 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 457 6699 759 2555 4340 6120 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6120 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6120 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6120 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6120 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6130 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6130 784CIPD1 457 6699 777 2553 4340 6130 784CIPD1 457 6775 779 2555 4340 6130 784CIPD1 457 6775 779 2556 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2557 4345 6131 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775 779 2558 4351 6137 784CIPD1 457 6775	748	2534	4320	6106		
750	749					
751						
752	751					
755					794CTD2D 435	
754 2540 4326 6132 784CIP2 438 6654 755 2541 4320 6132 784CIP2 439 6655 755 2542 4328 6114 784CIP2 430 6658 655 755 2542 4328 6114 784CIP2 430 6658 655 755 2542 4330 6116 784CIP2 440 6658 755 2544 4330 6116 784CIP2 442 6666 644 755 759 2546 4322 6118 784CIP2 442 6666 755 759 2546 4322 6118 784CIP2 444 6669 760 2546 4322 6118 784CIP2 444 6669 760 2546 4322 6118 784CIP2 444 6669 762 2548 4344 6110 784CIP2 444 6669 762 2548 4344 6110 784CIP2 446 6669 762 2548 4344 6110 784CIP2 446 6669 762 2548 4345 6110 784CIP2 446 6669 762 2548 4345 6110 784CIP2 446 6669 762 2548 4345 6112 784CIP2 446 6669 762 2548 4345 6112 784CIP2 446 6669 762 2548 4345 6112 784CIP2 446 6669 762 2558 4345 6112 784CIP2 446 6669 762 2558 4341 6110 784CIP2 446 6669 762 2558 4341 6110 784CIP2 446 6669 762 2558 4341 6110 784CIP2 447 6667 767 2553 4339 6113 784CIP2 457 6679 770 2556 4341 6116 784CIP2 457 6679 770 2556 4341 6116 784CIP2 457 677 771 2557 4341 6119 784CIP2 457 677 771 2557 4341 6119 784CIP2 457 677 771 2557 4341 6119 784CIP2 457 677 772 2558 4341 6119 784CIP2 457 677 772 2558 4344 6110 784CIP2 457 677 772 2558 4344 6110 784CIP2 457 677 775 2561 4347 6131 784CIP2 457 672 672 777 777 2557 4345 6111 784CIP2 457 672 777 777 2557 4345 6111 784CIP2 457 672 777 777 2557 4345 6111 784CIP2 457 672 777 777 2557 4345 6111 784CIP2 457 672 777 777 777 777 777 777 777 777 77						
755   2541						
756 2542 4338 6313 784CIPP1 440 6687 758 2544 4330 6116 784CIPP1 442 6663 6644 758 2544 4330 6116 784CIPP1 442 6663 6644 758 2544 4330 6116 784CIPP1 442 6663 760 2546 4332 6118 784CIPP1 442 6665 760 2546 4332 6118 784CIPP1 444 6665 760 2546 4332 6118 784CIPP1 444 6665 760 2546 4332 6118 784CIPP1 444 6665 665 760 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4334 6120 784CIPP1 446 6685 762 2548 4336 6122 784CIPP1 446 6685 762 2558 4337 6122 784CIPP1 446 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 446 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 446 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 446 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 450 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 450 6685 762 2558 4357 6122 784CIPP1 450 6685 762 762 762 762 762 762 762 762 762 762						
757   2543					704CIP2B_439	
758					784CIP2B_440	
758					784CIP2B_441	
760						
761						
762   2548						
763						
764 2550 4356 5122 784CIPEL 445 6689 765 2551 4337 6122 784CIPEL 445 6689 766 2552 4338 6124 784CIPEL 445 6699 766 2552 4338 6124 784CIPEL 450 6698 766 2552 4338 6124 784CIPEL 450 6698 766 2552 4330 6124 784CIPEL 450 6698 766 2552 4340 6126 784CIPEL 451 6699 767 2553 4340 6126 784CIPEL 451 6699 769 769 2555 4341 6127 784CIPEL 452 6705 771 2556 4142 6128 784CIPEL 452 6713 771 2556 4142 6128 784CIPEL 453 6711 771 2556 4142 6128 784CIPEL 453 6711 771 2556 4142 6128 784CIPEL 453 6711 771 2558 4141 6128 784CIPEL 453 6711 771 2558 4141 6128 784CIPEL 453 6711 771 2558 4141 6128 784CIPEL 453 6711 771 2558 4141 6128 784CIPEL 453 6712 771 771 2553 4141 6123 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6123 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6123 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6123 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6123 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6124 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6124 784CIPEL 453 6713 784CIPEL 453 6717 771 2553 4141 6124 784CIPEL 453 6713 784CIPEL 453 67						
765						
766   2552   4338   6124   784CIPPA 450   6598     767   2553   4339   6125   784CIPPA 450   6598     768   2554   4340   6126   784CIPPA 451   6599     768   2554   4340   6126   784CIPPA 452   6705     770   2556   4342   6128   784CIPPA 452   6705     771   2557   4343   6128   784CIPPA 452   6713     772   2558   4344   6120   784CIPPA 454   6713     773   2559   4344   6120   784CIPPA 456   6713     774   2557   4344   6120   784CIPPA 456   6725     775   2551   4347   6123   784CIPPA 456   6725     777   2553   4344   6120   784CIPPA 456   6725     777   2553   4349   6123   784CIPPA 457   6725     777   2553   4349   6125   784CIPPA 457   6725     777   2553   4349   6125   784CIPPA 456   6733     778   2554   4350   6136   784CIPPA 456   6733     779   2555   4351   6137   784CIPPA 463   6733     780   2556   4355   6136   784CIPPA 465   6733     781   2557   4353   6136   784CIPPA 465   6735     781   2567   4355   6136   784CIPPA 465   6735     783   2568   4355   6136   784CIPPA 465   6735     783   2568   4355   6136   784CIPPA 465   6735     784   2571   4357   6136   784CIPPA 465   6735     785   2571   4358   6136   784CIPPA 465   6735     786   2572   4358   6341   784CIPPA 477   6754     788   2574   4350   6141   784CIPPA 477   6754     788   2574   4356   6141   784CIPPA 477   6754     788   2572   4358   6344   784CIPPA 477   6755     786   2572   4358   6344   784CIPPA 477   6755     787   2573   4355   6141   784CIPPA 477   6755     788   2574   4360   6146   784CIPPA 477   6755     789   2575   4356   6141   784CIPPA 477   6755     789   2576   4352   6149   784CIPPA 478   6756     790   2576   4362   6149   784CIPPA 478   6756     791   2587   4366   6140   784CIPPA 478   6526     793   2586   4366   6152   784CIPPA 478   6526     794   2584   4366   6152   784CIPPA 478   6526     795   2586   4366   6152   784CIPPA 478   6526     796   2587   4366   6152   784CIPPA 478   6526     797   2585   4374   6156   784CIPPA 478   6526     798   2586   4366   6152   784CIPPA 478   6526     795						
767 2553 4339 6325 784CIPPA 451 6599 768 2554 4340 6116 784CIPPA 451 6699 769 2555 4341 6116 784CIPPA 452 6705 769 2555 4341 6116 784CIPPA 553 6711 770 2556 4342 6118 784CIPPA 555 6711 771 2557 4343 6119 784CIPPA 555 6715 771 2557 4343 6119 784CIPPA 455 6725 773 2559 4345 6110 784CIPPA 455 6725 773 2559 4345 6111 784CIPPA 457 6726 774 2560 4346 6112 784CIPPA 457 6726 775 2561 4347 6113 784CIPPA 457 6726 776 2561 4347 6113 784CIPPA 457 6726 777 2562 4348 6114 784CIPPA 457 6727 777 2563 4348 6114 784CIPPA 457 6727 778 2564 4359 6114 784CIPPA 457 6731 779 2565 4351 6114 784CIPPA 467 6731 779 2565 4351 6114 784CIPPA 467 6731 779 2566 4352 6116 784CIPPA 467 6731 779 2567 4351 6114 784CIPPA 467 6731 779 2568 4352 6118 784CIPPA 467 6731 780 2568 4352 6118 784CIPPA 467 6731 780 2568 4352 6118 784CIPPA 467 6731 781 257 4353 6114 784CIPPA 467 6731 782 2588 4354 6140 784CIPPA 467 6731 783 257 4355 6141 784CIPPA 467 6751 784 2570 4355 6141 784CIPPA 467 6755 785 2571 4357 6143 784CIPPA 467 6755 786 2572 4358 6144 784CIPPA 467 6755 786 2572 4358 6144 784CIPPA 477 6755 787 257 4354 6140 784CIPPA 477 6755 788 2574 4350 6146 784CIPPA 477 6755 788 2574 4350 6146 784CIPPA 477 6755 789 2578 4354 6140 784CIPPA 477 6755 789 2578 4354 6140 784CIPPA 477 6755 789 2579 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6143 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6143 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4356 6147 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357 6157 784CIPPA 477 6755 789 2571 4357						
768   2554   4340   6116   784CIPPA 453   7975     769   2555   4341   6127   784CIPPA 453   6713     770   2556   4342   6128   784CIPPA 453   6713     771   2557   4343   6128   784CIPPA 453   6713     772   2558   4344   6130   784CIPPA 455   6713     773   2558   4344   6130   784CIPPA 455   6715     774   2558   4344   6130   784CIPPA 455   6725     775   2558   4345   6132   784CIPPA 455   6727     776   2556   4345   6132   784CIPPA 455   6727     777   2553   4345   6132   784CIPPA 455   6727     777   2553   4346   6132   784CIPPA 455   6727     777   2553   4349   6135   784CIPPA 455   6727     777   2553   4349   6135   784CIPPA 455   6727     778   2554   4350   6136   784CIPPA 455   6723     779   2555   4351   6137   784CIPPA 456   6727     780   2556   4352   6138   784CIPPA 455   6723     781   2557   4353   6138   784CIPPA 455   6723     782   2558   4355   6136   784CIPPA 455   6735     783   2569   4355   6136   784CIPPA 456   6727     784   2370   4355   6140   784CIPPA 467   6754     785   2372   4355   6140   784CIPPA 467   6754     786   2372   4356   6140   784CIPPA 467   6754     787   2573   4356   6140   784CIPPA 467   6754     788   2574   4350   6147   784CIPPA 467   6754     786   2372   4355   6141   784CIPPA 467   6755     787   2573   4356   6140   784CIPPA 467   6755     788   2574   4350   6146   784CIPPA 467   6755     789   2575   4356   6146   784CIPPA 467   6755     789   2575   4356   6146   784CIPPA 477   6775     789   2577   4356   6146   784CIPPA 477   6775     789   2578   4366   6150   784CIPPA 478   6823     790   2576   4365   6151   784CIPPA 478   6823     790   2576   4365   6151   784CIPPA 478   6823     790   2586   4366   6152   784CIPPA 478   6823     790   2586   4366   6151   784CIPPA 478   6823     790   2586   4376   6153   784CIPPA 486   6857     790   2586   4371   6157   784CIPPA 486   6857     790						6698
769			4339	6125	784CIP2B 451	6699
769 2555 4341 6127 784CPDE 455 6711 770 2556 4342 6128 784CPDE 455 6713 771 2557 4343 6129 784CPDE 455 6713 771 2557 4343 6129 784CPDE 455 6715 772 2558 4344 6130 784CPDE 455 6715 773 2559 4345 6131 784CPDE 455 6725 773 2559 4345 6131 784CPDE 457 6726 775 2561 4346 6132 784CPDE 457 6726 776 2561 4346 6132 784CPDE 457 6727 777 2563 4346 6132 784CPDE 457 6727 778 2564 4350 6136 784CPDE 467 6737 778 2564 4350 6136 784CPDE 467 6737 778 2564 4350 6136 784CPDE 467 6737 778 2568 4352 6136 784CPDE 467 6737 780 2566 4352 6136 784CPDE 467 6737 781 2567 4353 6130 784CPDE 467 6737 782 2568 4355 6130 784CPDE 467 6737 784 257 4353 6130 784CPDE 467 6737 785 257 4355 6140 784CPDE 467 6754 786 257 4355 6140 784CPDE 467 6754 787 787 788 788 788 788 788 788 788 788			4340	6126	784CIP2B 452	6705
771			4341	6127	784CIP2B 453	6711
772 2558 4444 610 784CPPB 455 6725 773 2558 4444 6110 784CPPB 457 6725 774 2550 4445 6111 784CPPB 457 6725 774 2550 4446 6112 784CPPB 457 6725 775 2551 4348 6111 784CPPB 457 6725 776 2552 4446 6112 784CPPB 458 6727 776 2552 4446 6113 784CPPB 458 6730 7776 2552 4446 6113 784CPPB 450 6730 7777 2552 4448 6114 784CPPB 460 6730 7778 2553 4148 6114 784CPPB 460 6730 7779 2555 4145 6115 784CPPB 460 6730 7779 2555 4150 6115 784CPPB 461 6730 779 2555 4150 6115 784CPPB 461 6730 779 2555 4150 6115 784CPPB 461 6730 779 2556 4150 6115 784CPPB 461 6737 781 2557 4355 6110 784CPPB 465 6751 782 2558 4154 610 784CPPB 465 6751 783 2559 4355 6141 784CPPB 467 6734 784 2570 4155 6140 784CPPB 467 6754 785 2571 4157 6143 784CPPB 467 6754 787 787 2573 4156 6140 784CPPB 467 6751 787 2573 4156 6140 784CPPB 467 6757 788 2574 4157 6143 784CPPB 467 6757 789 2576 4362 6146 784CPPB 477 6755 789 2576 4362 6146 784CPPB 477 6755 789 2576 4362 6146 784CPPB 477 6755 790 2576 4362 6146 784CPPB 477 6757 791 2577 4363 6150 784CPPB 478 6796 792 2588 4364 6150 784CPPB 477 6795 794 2580 4366 6150 784CPPB 477 6795 795 2581 4364 6150 784CPPB 477 6795 794 2580 4366 6151 784CPPB 477 6795 795 2581 4364 6150 784CPPB 478 6796 795 2581 4366 6151 784CPPB 478 6796 797 2581 4367 6151 784CPPB 477 6795 798 2584 4366 6151 784CPPB 479 6828 799 2586 4376 6151 784CPPB 479 6828 799 2586 4376 6151 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828 799 2586 4371 6157 784CPPB 479 6828		2556	4342	6128	784CIP2B 454	6713
773 2559 4448 6131 784CIPPL 457 6725 774 2560 4346 6132 784CIPPL 458 6727 775 2561 4347 6133 784CIPPL 458 6727 775 2561 4347 6133 784CIPPL 458 6727 777 2563 4348 6134 784CIPPL 458 6730 777 2563 4349 6135 784CIPPL 458 6730 777 2563 4349 6135 784CIPPL 461 6730 778 2563 4349 6135 784CIPPL 461 6730 779 2565 4351 6137 784CIPPL 462 6732 780 2566 4351 6137 784CIPPL 463 6733 780 2566 4351 6137 784CIPPL 463 6733 781 2567 4353 6138 784CIPPL 465 6737 782 2567 4355 6138 784CIPPL 465 6737 783 2567 4355 6138 784CIPPL 465 6745 784 2570 4355 6132 784CIPPL 465 6745 785 2571 4357 6137 786 2572 4358 6147 784CIPPL 465 6765 786 2572 4358 6147 784CIPPL 465 6765 787 2573 4350 6146 784CIPPL 465 6765 788 2574 4350 6146 784CIPPL 475 6785 788 2574 4350 6146 784CIPPL 475 6773 789 2575 4356 6147 784CIPPL 475 6773 789 2575 4356 6147 784CIPPL 475 6773 790 2576 4362 6148 784CIPPL 475 6773 790 2576 4362 6148 784CIPPL 475 6773 790 2576 4366 6147 784CIPPL 475 6773 791 2577 4363 6147 784CIPPL 475 6773 792 2573 4366 6150 784CIPPL 476 6823 793 2579 4365 6147 784CIPPL 476 6823 794 2579 4365 6147 784CIPPL 476 6823 795 2579 4365 6151 784CIPPL 476 6823 795 2579 4365 6151 784CIPPL 476 6823 795 2579 4365 6151 784CIPPL 476 6823 795 2579 4365 6151 784CIPPL 476 6823 795 2584 4360 6150 784CIPPL 476 6823 7979 2583 4360 6156 784CIPPL 478 6823 799 2585 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6157 784CIPPL 478 6835 799 2586 4371 6156 784CIPPL 478 6837 799 2586 4371 6156 784CIPPL 478 6837 799 2586 4371 6156 784CIPPL 478 6837 799 2586 4371 6156 784CIPPL 478 6837			4343	6129	784CIP2B 455	6716
774		2558	4344	6130	784CIP2B 456	6725
774 2560 4346 6132 784CIPPR_458 6727 775 2561 4348 6134 784CIPPR_458 6737 776 2562 4348 6134 784CIPPR_458 6733 776 2562 4348 6134 784CIPPR_460 6733 7776 2562 4348 6135 784CIPPR_460 6733 7778 2563 4348 6135 784CIPPR_461 6733 7779 2563 4353 6137 784CIPPR_461 6733 779 2565 4353 6137 784CIPPR_461 6733 789 2568 4352 6138 784CIPPR_461 6733 780 2568 4352 6138 784CIPPR_461 6733 780 2568 4354 6140 784CIPPR_461 6733 780 2568 4354 6140 784CIPPR_461 6737 780 2568 6140 784CIPPR_461 6737 781 2571 4357 6143 784CIPPR_461 6737 782 2573 4358 6141 784CIPPR_461 6737 783 2574 4357 6143 784CIPPR_461 6737 786 2574 4356 6140 784CIPPR_461 6737 787 2573 4356 6140 784CIPPR_461 6737 787 2573 4356 6140 784CIPPR_461 6737 787 2573 4356 6140 784CIPPR_461 6737 789 2574 4357 6143 784CIPPR_461 6737 789 2575 4356 6140 784CIPPR_471 6755 789 2578 4356 6140 784CIPPR_471 6755 789 2578 4356 6150 784CIPPR_471 6755 789 2578 4356 6150 784CIPPR_471 6755 789 2578 4356 6150 784CIPPR_471 6755 789 2581 4356 6150 784CIPPR_471 6755 789 2581 4356 6150 784CIPPR_471 6755 789 2581 4356 6150 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756 789 2581 4356 6151 784CIPPR_471 6756		2559	4345	6131	784CIP2B 457	6726
775 2561 4247 6133 784CPER 455 6730 7775 2561 4347 6134 784CPER 456 6730 6737 777 2563 4348 6134 784CPER 456 6730 6730 7777 2563 4349 6135 784CPER 463 6730 7777 2563 4349 6135 784CPER 463 6730 7778 2564 4355 6136 784CPER 463 6737 778 2564 4355 6136 784CPER 463 6733 779 2565 7845 785 785 785 785 785 785 785 785 785 78	774	2560	4346	6132	784CIP2B 458	6727
776 2552 4448 6134 784CPPB 460 6730 777 2553 4448 6134 784CPPB 461 6730 778 2564 4350 6136 784CPPB 462 6732 778 2564 4350 6136 784CPPB 462 6732 778 2564 4350 6136 784CPPB 462 6732 780 2566 4352 6137 784CPPB 463 6733 780 2566 4352 6138 784CPPB 463 6737 781 2567 4353 6139 784CPPB 465 6737 782 2568 4354 6140 784CPPB 466 6737 783 2569 4355 6141 784CPPB 466 6751 784 2570 4355 6141 784CPPB 466 6751 785 2571 4355 6142 784CPPB 467 6754 786 2572 4355 6144 784CPPB 467 6754 786 2572 4355 6146 784CPPB 470 6705 786 2572 4355 6146 784CPPB 470 6705 788 2571 4357 6146 784CPPB 470 6705 789 2571 4357 6146 784CPPB 470 6705 789 2571 4357 6145 784CPPB 470 6705 789 2571 4357 6146 784CPPB 470 6705 789 2571 4351 6146 784CPPB 471 6768 789 2571 4351 6146 784CPPB 472 6777 789 2571 4361 6146 784CPPB 472 6777 789 2571 4361 6146 784CPPB 472 6777 789 2571 4361 6146 784CPPB 472 6777 789 2571 4361 6146 784CPPB 472 6777 789 2571 4361 6146 784CPPB 473 6766 789 2571 4361 6146 784CPPB 473 6766 789 2581 4367 6150 784CPPB 473 6739 789 2581 4366 6150 784CPPB 473 6839 789 2581 4366 6151 784CPPB 473 6839 789 2581 4366 6151 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 473 6839 789 2584 4370 6156 784CPPB 486 6857 789 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 789 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 789 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 780 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 780 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 780 2588 4371 6157 784CPPB 486 6857 780 2588 4374 6156 784CPPB 486 6873	775	2561	4347	6133	784CIP2B 459	
777   2563	776	2562	4348	6134		
778 2554 4350 6136 784CIP28 462 6732 779 2555 4351 6137 784CIP28 462 6732 780 2556 4352 6138 784CIP28 463 6733 780 2556 4352 6138 784CIP28 463 6737 781 2557 4353 6139 784CIP28 463 6737 782 2558 4354 6140 784CIP28 465 6751 783 2559 4355 6141 784CIP28 465 6751 784 2570 4355 6141 784CIP28 465 6751 785 2571 4355 6142 784CIP28 468 6755 786 2572 4358 6144 784CIP28 470 6755 786 2572 4358 6144 784CIP28 470 6755 787 2573 4350 6146 784CIP28 470 6755 787 2573 4350 6146 784CIP28 470 6755 786 2572 4358 6144 784CIP28 471 6768 787 2573 4350 6146 784CIP28 471 6768 787 2573 4350 6146 784CIP28 471 6775 789 2574 4350 6146 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6147 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6148 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6147 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6148 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6148 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6148 784CIP28 471 6775 789 2579 4351 6148 784CIP28 471 6775 789 2581 4361 6150 784CIP28 471 6775 789 2581 4361 6151 784CIP28 471 6735 789 2581 4366 6151 784CIP28 471 6755 789 2581 4366 6151 784CIP28 471 6357 789 2583 4366 6152 784CIP28 473 6357 789 2584 4370 6155 784CIP28 473 6357 789 2584 4370 6156 784CIP28 486 6557 789 2584 4370 6156 784CIP28 486 6557 789 2588 4371 6157 784CIP28 486 6557 789 2588 4371 6157 784CIP28 486 6557 789 2588 6371 6159 784CIP28 486 6557 789 2588 6371 6159 784CIP28 486 6557 789 2588 6371 6159 784CIP28 486 6557 789 2588 6371 6159 784CIP28 486 6557 789 2588 6371 6159 784CIP28 486 6557	777	2563	4349			
779   2585   4451   6137   784CPER 463   6733   784CPER 463   6733   784   784CPER 464   6737   781   2587   4352   6138   784CPER 465   6737   781   2587   4353   6138   784CPER 465   6745   6737   782   2588   4354   6140   784CPER 465   6745   6753   7863   2569   4355   6141   784CPER 467   6754   6754   6754   6754   6754   6754   6754   6754   6754   6755   6754   6755	778	2564	4350	6136		
780	779	2565	4351			
761   2567   4353   6139   784CTP28 465   6745     762   2558   4354   6140   784CTP28 465   6751     763   2559   4355   6141   784CTP28 467   6754     764   2370   4355   6141   784CTP28 467   6754     765   2571   4357   6143   784CTP28 468   6758     765   2571   4357   6143   784CTP28 469   6761     767   2573   4357   6143   784CTP28 469   6761     767   2573   4358   6144   784CTP28 479   6765     768   2574   4359   6144   784CTP28 479   6765     768   2574   4359   6144   784CTP28 479   6767     768   2575   4356   6146   784CTP28 479   6767     769   2576   4352   6149   784CTP28 479   6776     769   2576   4352   6149   784CTP28 479   6776     769   2578   4354   6150   784CTP28 477   6776     769   2578   4354   6150   784CTP28 477   6778     769   2578   4354   6150   784CTP28 477   6722     769   2578   4356   6151   784CTP28 477   6823     769   2581   4356   6152   784CTP28 478   6824     769   2581   4356   6154   784CTP28 478   6824     769   2581   4356   6154   784CTP28 478   6824     769   2585   4376   6157   784CTP28 478   6825     769   2585   4376   6157   784CTP28 478   6825     769   2585   4371   6157   784CTP28 488   6357     760   2586   4371   6157   784CTP28 488   6857     760   2586   4371   6157   784CTP28 488   6857     760   2586   4371   6157   784CTP28 488   6857     760   2586   4371   6159   784CTP28 488   6857     760   2587   4373   6159   784CTP28 488   6857     760   2587   4374   6159   784CTP28 488   6857     760   2587   4374   6159   784CTP28 488   6857     760   2588   4371   6159   784CTP28 488   6857     760   2588   4371   6159   784CTP28 488   6857     760   2588   4374   6159   784CTP28 486   6857     760   2588   6375   6367   6650   784CTP28 487   6875     760   2588   6375   6367   6367   6675   6675     760   2588   6375   6367   6367   6675   6675     760   2588   6375   6367   6367   6675   6675     760   2588   6375   6375   6375   6375   6675     760   2588   6375   6375   6375   6375     760   2588   6375   6375   6375   6375   6375     760   2588	780	2566			784CTP2B 464	
792   2558   4354   6140   784CIPPR 465   7751   783   2559   4355   6141   784CIPPR 465   7751   784   2570   4355   6141   784CIPPR 465   7754   785   2571   4355   6142   784CIPPR 465   6761   786   2572   4355   6142   784CIPPR 465   6763   786   2572   4358   6144   784CIPPR 470   6765   787   2573   4355   6145   784CIPPR 470   6765   788   2574   4350   6145   784CIPPR 470   6765   788   2574   4350   6146   784CIPPR 470   6775   789   2575   4354   6146   784CIPPR 471   6768   789   2577   4361   6147   784CIPPR 471   6779   790   2577   4363   6148   784CIPPR 474   6795   791   2577   4364   6150   784CIPPR 476   6723   783   2579   4364   6150   784CIPPR 476   6723   783   2580   4364   6150   784CIPPR 476   6723   785   2581   4467   6327   784CIPPR 476   6823   789   2584   4368   6156   784CIPPR 476   6623   789   2584   4368   6156   784CIPPR 476   6624   789   2585   4368   6156   784CIPPR 476   6624   789   2584   4370   6156   784CIPPR 476   6624   789   2584   4370   6156   784CIPPR 488   6657   780   2587   4374   6157   784CIPPR 488   6657   780   2587   4373   6159   784CIPPR 488   6657   780   2588   4370   6157   784CIPPR 488   6657   780   2588   4373   6159   784CIPPR 486   6657   780   2588   4373   6159   784CIPPR 486   6657   780   2588   4374   6157   784CIPPR 486   6657   780   2588   4374   6159   784CIPPR 486   6657   780   2588   4374   6150   784CIPPR 486   6657						
783						
784   2570   4356   6142   784CIPPR 468   7758   7758   7758   7755   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857   7856   7857						
785   2571   4357   6143   738CIPER 469   6761     786   2572   4358   6144   738CIPER 469   6761     786   2573   4359   6144   738CIPER 471   6765     787   2573   4359   6145   738CIPER 471   6768     788   2574   4350   6146   738CIPER 471   6778     789   2575   4351   6147   738CIPER 473   6776     790   2576   4352   6148   738CIPER 473   6776     791   2577   4353   6149   738CIPER 475   6798     792   2578   4354   6149   738CIPER 475   6798     793   2579   4355   6151   738CIPER 475   6625     794   2580   4356   6151   738CIPER 477   6625     795   2581   4367   6152   738CIPER 479   6526     796   2582   4356   6151   738CIPER 479   6526     797   2593   4355   6151   738CIPER 479   6526     798   2584   4365   6155   738CIPER 479   6526     798   2584   4369   6155   738CIPER 484   6567     798   2584   4370   6156   738CIPER 484   6587     799   2585   4371   6157   738CIPER 484   6587     800   2587   4373   6159   738CIPER 486   6373     801   2587   4373   6159   738CIPER 486   6373     801   2587   4373   6159   738CIPER 486   6373     802   2588   6373   6157   68012   6873     802   2588   6374   6157   68012   6873     802   2588   6374   6159   738CIPER 486   6873     802   2588   6374   6150   738CIPER 486   6873     803   6358   6358   6358   6358   6358   6358     803   2588   6374   6375   6375   6375     804   2588   6374   6375   6375     805   2588   6374   6375   6375     806   2588   6375   6375   6375     807   875   875   875   875   875   875   875   875   875     807   807   807   807   807   807   807   807     807   807					704CTP2B_467	
786   2572   4358   5144   784CIPER 473   6775   787   2573   4355   6145   784CIPER 473   6775   788   2574   4350   6146   784CIPER 473   6775   788   2574   4350   6146   784CIPER 473   6775   789   2575   4351   6147   784CIPER 473   6775   790   2576   4352   6148   784CIPER 473   6776   791   2577   4352   6149   784CIPER 474   6796   792   2578   4364   6150   784CIPER 476   6823   793   2579   4365   6151   784CIPER 476   6823   793   2580   4366   6152   784CIPER 478   6826   795   2581   4364   6150   784CIPER 478   6826   796   2582   4364   6150   784CIPER 478   6826   797   2583   4364   6154   784CIPER 478   6826   798   2584   4366   6152   784CIPER 478   6826   799   2585   4376   6156   784CIPER 488   6857   799   2586   4370   6156   784CIPER 488   6857   799   2586   4371   6157   784CIPER 488   6857   7801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6857   7801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6857   7801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6857   7802   2588   4371   6157   784CIPER 486   6857   7801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6857   7802   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7803   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7804   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7805   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7807   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7808   2588   6372   6158   784CIPER 486   6857   7809   2588   4374   6159   784CIPER 486   6857   7809   2588   6372   6158   784CIPER 486   6857   7809   2588   6372   6158   784CIPER 486   6857   7809   2588   6372   6375   6375   7800   2588   6372   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   6375   7800   2588   6375   6375   7800   2588   6375   6375   7800   2588   6375   6375   7800   2588   6375   6375   7800   2588   6375   6375   7800   2588   6375					784CTP2D 460	
787   2573   4355   6145   784CIPER 471   6768     788   2574   4350   6146   784CIPER 471   6768     788   2575   4350   6146   784CIPER 473   6773     789   2575   4351   6147   784CIPER 473   6776     790   2576   4352   6148   784CIPER 473   6776     791   2577   4353   6149   784CIPER 475   6798     792   2578   4354   6150   784CIPER 475   6798     793   2579   4355   6151   784CIPER 477   6822     794   2580   4356   6152   784CIPER 477   6822     795   2581   4367   6153   784CIPER 479   6330     796   2582   4358   6154   784CIPER 479   6330     797   2583   4356   6155   784CIPER 479   6340     798   2584   4370   6155   784CIPER 484   6357     799   2585   4371   6157   784CIPER 484   6357     800   2587   4373   6159   784CIPER 486   6361     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6361     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6361     802   2588   6373   6157   784CIPER 486   6361     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6361     802   2588   6373   6159   784CIPER 486   6361     802   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     802   2588   6374   6157   6875     802   2588   6374   6159   784CIPER 486   6873     802   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     802   2588   4374   6150   784CIPER 486   6873     802   2588   6374   6150   784CIPER 486   6873     802   2588   6374   6150   784CIPER 486   6873     803   603   6875   6875     804   6875   6875   6875     805   6875   6875   6875     806   6874   6875   6875     807   6875   6875   6875     807   807   807   807     807   807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807   807   807     807						
788   2574   4550   6146   784CIPER 472   6773     789   2575   4350   6147   784CIPER 472   6773     789   2576   4356   6147   784CIPER 473   6775     790   2576   4356   6148   784CIPER 474   6795     791   2577   4351   6149   784CIPER 476   6795     792   2578   4364   6150   784CIPER 476   6523     793   2579   4365   6151   784CIPER 476   6523     794   2580   4366   6152   784CIPER 478   6526     795   2581   4367   6153   784CIPER 478   6526     796   2581   4367   6153   784CIPER 478   6526     797   2583   4366   6152   784CIPER 478   6526     798   2584   4376   6158   784CIPER 480   6344     799   2585   4371   6157   784CIPER 480   6344     799   2586   4371   6157   784CIPER 481   6857     800   2586   4372   6158   784CIPER 486   6657     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6657     802   2588   4371   6159   784CIPER 486   6657     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6657     802   2588   4371   6159   784CIPER 486   6657     802   2588   4373   6159   784CIPER 486   6657     802   2588   4374   6159   784CIPER 486   6657     802   2588   4374   6159   784CIPER 486   6657     803   2586   6372   6358   6364CIPER 487   6875     804   2588   6372   6358   6364CIPER 487   6875     805   2588   4374   6159   784CIPER 486   6657     806   2586   6376   6376   6376     807   807   807   807   807     808   809   809   809   809   809   809   809   809   809     809   800   800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800   800     800   800   800   800   800     800   800   800   800   800     800   800   800   800     800   800   800   800     800   800   800   800     800   800   800   800     800   800   800     800   800   800     800   800   800     800   800   8						
789   2578   4361   6147   734-CFD2 473   6776     790   2576   4362   6148   734-CFD2 473   67776     791   2577   4363   6149   734-CFD2 473   6795     792   2577   4363   6149   734-CFD2 475   6798     793   2579   4365   6150   734-CFD2 475   6798     793   2579   4365   6151   734-CFD2 477   6825     794   2560   4365   6151   734-CFD2 477   6825     795   2561   4367   6152   734-CFD2 477   6825     795   2561   4367   6153   734-CFD2 479   6330     796   2582   4368   6154   734-CFD2 480   6344     797   2583   4369   6155   734-CFD2 480   6344     798   2584   4370   6156   734-CFD2 480   6357     799   2585   4371   6157   734-CFD2 480   6357     801   2587   4373   6159   734-CFD2 486   6873     801   2587   4373   6159   734-CFD2 486   6873     801   2587   4373   6159   734-CFD2 486   6873     802   2588   6371   6157   744-CFD2 486   6873     801   2587   4373   6159   734-CFD2 486   6873     802   2588   6374   6159   734-CFD2 486   6873     802   2588   4374   6159   734-CFD2 486   6873     802   2588   4374   6159   734-CFD2 486   6873     802   2588   4374   6159   734-CFD2 486   6873     803   6854   6854   6855     804   2588   4374   6159   734-CFD2 486   6873     805   6854   6854   6855     806   2588   6854   6854   6855     807   6875   6875   6875     808   688   688   688   688     809   2588   688   688   688     800   2588   688   688   688   688     800   2588   688   688   688   688     800   2588   688   688   688   688   688     800   2588   688   688   688   688   688   688     800   2588   688						
790						
791   2577   4363   6149   784CIPER 475   6798     792   .2578   4364   6150   784CIPER 475   6798     793   2579   4365   6151   784CIPER 477   6822     794   2580   4365   6151   784CIPER 477   6825     795   2581   4367   6152   784CIPER 479   6339     796   2582   4368   6154   784CIPER 479   6339     797   2583   4369   6155   784CIPER 488   6344     798   2584   4370   6156   784CIPER 488   6384     799   2585   4371   6157   784CIPER 488   6385     799   2587   4373   6159   784CIPER 488   6361     800   2587   4373   6159   784CIPER 486   6373     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6873     802   2588   4374   6157   678CIPER 486   6873     801   2587   4373   6159   784CIPER 486   6873     802   2588   4374   6157   6875   6875     803   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     804   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     805   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     806   2588   4374   6159   784CIPER 486   6873     807   878   878   878   878   878   878     807   878   878   878   878   878     808   878   878   878   878   878     809   878   878   878   878   878     809   878   878   878   878     800   878   878   878   878     801   878   878   878     802   878   878   878     803   878   878   878     804   878   878     805   878   878     807   878   878     808   878   878     809   878   878     809   878   878     809   878   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809   878     809     809   878     809   878     800   878     800   878     800     800   878     800   878     800   878     800   878     800     800   800     800   800     800   800     800   800     800     800   800     800   800     800   800     800   800     800     800   800     800   800     800   800     800     800   800     800   800     800   800     800   800     800   800     800					764CIPZB_473	
792         2578         4364         6150         734CIPER 475         6232           793         2879         4365         6151         784CIPER 475         6825           794         2880         4365         6152         784CIPER 478         6826           795         2881         4367         6153         784CIPER 479         6333           796         2882         4368         6154         784CIPER 480         6944           797         2863         4369         6155         784CIPER 482         6894           798         2884         4370         6156         784CIPER 484         6857           799         2885         4371         6157         784CIPER 484         6857           800         2886         4372         6158         784CIPER 485         6961           801         2887         4373         6159         784CIPER 486         6873           802         2888         4374         6159         784CIPER 486         6873           802         2888         6373         6159         784CIPER 486         6873						
1994   2580   4366   6152   784CIPER 473   6262   7852						
795   2581   4467   6153   784CTPSB 473   6339   796   2582   4366   6154   784CTPSB 473   6339   796   2582   4368   6154   784CTPSB 480   6344   796TPSB 473   6354   6355   784CTPSB 481   6354   6355   784CTPSB 482   6354   6356   6156   784CTPSB 482   6354   6356						
796   2582   4356   6154   784CIPDE 480   6844     797   2563   4359   6155   784CIPDE 480   6844     798   2584   4370   6156   784CIPDE 483   6884     798   2584   4370   6156   784CIPDE 483   6384     639   2585   4371   6157   784CIPDE 484   6387     630   2586   4372   6158   784CIPDE 485   6361     6301   2587   4373   6159   784CIPDE 486   6873     6302   2588   4374   6150   784CIPDE 486   6873     6302   6358   6376   6616   784CIPDE 487   6875     6304   6358   6376   6376   6376     6305   6306   6306   6306   6306     6306   6306   6306   6306   6306     6307   6307   6307   6307     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308   6308   6308     6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6308   6308   6308     6						
797         2583         4369         6155         784CLP21         432         C643           798         2584         4370         6156         784CLP21         483         6954           799         2585         4371         6157         784CLP22         484         6957           800         2586         4372         6158         784CLP24         485         6951           801         2587         4373         6159         784CLP26         486         6873           802         2588         4374         6150         784CLP26         687         6875						
798 2584 4370 6156 784CIP28 483 6884 799 2585 4371 6157 784CIP28 483 6884 6887 6800 2586 4372 6158 784CIP28 486 687 6801 2587 4373 6159 784CIP28 486 6873 6801 2587 4373 6159 784CIP28 486 6873 6802 2588 4374 6150 784CIP28 487 6875						
799 2585 4371 6157 784CF28 484 6557 800 2586 4372 6158 784CF28 485 6951 801 2587 4373 6159 784CF28 486 6873 802 2588 4374 6150 784CF28 486 6873						
800 2586 4372 6158 784C1P2B_485 6061 801 2587 4373 6159 784C1P2B_486 6873 802 2588 4374 6160 784C1P2B_487 6875						
801 2587 4373 6159 784CIP2B 486 6873 802 2588 4374 6160 784CIP2B 487 6875						
802 2588 4374 6160 784CIP2B 487 6875						
10/1 0200 /04CIP2B 48/ 00/3						
803 2589 4375 6161 784CIP2B_488 6877						
	803	2589	4375	6161	784CIP2B_488	6877

SEO ID NO:	I SEO ID	SEC ID NO:	SEO ID	Priority	
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	SEQ ID NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide	, -	sequence	priority	1 40, 100, 123
_	sequence		4	application	
804	2590	4376	6162	784CIP2B 489	6880
805	2591	4377	6163	784CIP2B 490	6885
806	2592	4378	6164	784CIP2B 491	6890
807	2593	4379	6165	784CIP2B 492	6890
808	2594	4380	6166	784CIP2B 493	6894
809	2595	4381	6167	784CIP2B 494	6901
810	2596	4382	6168	784CIP2B 495	6904
811	2597	4383	6169	784CIP2B 496	6907
812	2598	4384	6170	784CIP2B_497	6914
813	2599	4385	6171	784CIP2B 498	6917
814	2600	4386	6172	784CIP2B 499	6923
815	2601	4387	6173	784CIP2B 500	6929
816	2602	4388	6174	784CIP2B 501	6931
817	2603	4389	6175	784CIP2B 502	6935
818	2604	4390	6176	784CIP2B 503	6940
819	2605	4391	6177	784CIP2B_504	6945
820	2606	4392	6178	784CIP2B 505	6946
821	2607	4393	6179	784CIP2B_506	6947
822	2608	4394	6180	784CIP2B_507	6949
823	2609	4395	6181	784CIP2B 508	6959
824	2610	4396 -	6182	784CIP2B_509	6960
825	2611	4397	6183	784CIP2B_510	6962
826	2612	4398	6184	784CIP2B_511	6963
827	2613	4399	6185	784CIP2B_512	6967
828	2614	4400	6186	784CIP2B_513	6983
829	2615	4401	6187	784CIP2B_514	6988
830	2616	4402	6188	784CIP2B_515	6996
831 832	2617	4403	6189	784CIP2B_516	7003
832	2618	4404	6190	784CIP2B_517	7016
834	2619 2620	4405	6191	784CIP2B_518	7017
835		4406	6192	784CIP2B_519	7025
836	2621 2622	4407	6193	784CIP2B_520	7025
837	2622	4408	6194	784CIP2B_521	7025
838	2624	4409 4410	6195	784CIP2B_522 784CIP2B_523	7050
839	2625	4411	6196 6197		7051
840	2626	4412	6198	784CIP2B_524	7055
841	2627	4413		784CIP2B_525	7050
842	2628	4414	6200	784CIP2B_526 784CIP2B_527	7064
843	2629	4415	6201	784CIP2B_527	7067
844	2630	4416	6202	784CIP2B 528 784CIP2B 529	7071
845	2631	4417	6203	784CIP2B_529 784CIP2B_530	7072
846	2632	4418	6204	784CIP2B 530 784CIP2B 531	7073
847	2633	4419	6205	784CIP2B_531 784CIP2B_532	7088
848	2634	4420	6206	784CIP2B 532	7089
849	2635	4421	6207	784CIP2B_533 784CIP2B_534	7099
850	2636	4422	6208	784CIP2B_535	7091
851	2637	4423	6209	784CIP2B 536	7104
852	2638	4424	6210	784CIP2B_536	7104
853	2639	4425	6211	784CIP2B 538	7105
854	2640	4426	6212	784CIP2B 538	7105
855	2641	4427	6213	784CIP2B_533	7109
856	2642	4428	6214	784CIP2B 541	7119
857	2643	4429	6215	784CIP2B 541	7120
858	2644	4430	6216	784CTP2B_542	7121
859	2645	4431	6217	784CIP2B 544	7126
860	2646	4432	6218	784CIP2B 545	7127
861	2647	4433	6219	784CIP2B_545	7130
862	2648	1434	6220	784CIP2B 547	7131
863	2649	4435	6221	784CIP2B 548	7144
864	2650	4436	6222	784CIP2B 549	7159
865	2651	4437	6223	784CIP2B 550	7163

SEO ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	No:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide		sequence	priority	
	sequence			application	
866	2652	4438	6224	784CIP2B_551	7175
867	2653	4439	6225	784CIP2B_552	7188
868	2654	4440	6226	784CIP2B_553	7189
869	2655	4441	6227	784CIP2B_554	7190
870	2656	4442	6228	784CIP2B_555	7191
871	2657	4443	6229	784CIP2B_556	7203
872	2658	4444	6230	784CIP2B_557	7204
873	2659	4445	6231	784CIP2B_558	7208
874	2660	4446	6232	784CIP2B_559	7209
875	2661	4447	6233	784CIP2B_560	7210
876	2662	4448	6234	784CIP2B_561	7216
877	2663	4449	6235	784CIP2B_562	7221
878	2664	4450	6236	784CIP2B_563	7230
879	2665	4451	6237	784CIP2B_564	7237
880	2666	4452	6238	784CIP2B_565	7240
881 .	2667	4453	6239	784CIP2B_566	7245
882	2668	4454	6240	784CIP2B_567	7250
883	2669	4455	6241	784CIF2B_568	7251
884	2670	4456	6242	784CIP2B_569	7255
885	2671	4457	6243	784CIP2B_570	7260
886	2672	4458	6244	784CIP2B_571	7265
887	2673	4459	6245	784CIP2B_572	7268
888	2674	4450	6246	784CIP2B_573	7275
889	2675	4461	6247	784CIP2B_574	7279
890	2676	4462	6248	784CIP2B_575	7283
891 892	2677	4453	6249	784CIP2B_576	7283
	2678	4454	6250	784CIP2B_577	7287
893 894	2679	4465	6251	784CIP2B_578	7301
894	2680 2681	4466 4467	6252	784CIP2B_579	7308
895	2682		6253	784CIP2B_580	7308
897	2682	4468 4469	6254 6255	784CIP2B_581	7309 7319
898	2684	4470	6256	784CIP2B_582 784CIP2B 583	
899	2685	4471	6257	784CIP2B_583 784CIP2B_584	7320 7326
900	2686	4472	6258	784CIP2B_584 784CIP2B_585	7326
901	2687	4473	6259	784CIP2B_585	7334
902	2688	4474	6260	784CIP2B_586	7337
903	2689	4475	6261	784CIP2B_587	7339
904	2690	4476	6262	784CIP2B_588	7344
905	2691	4477	16263	784CIP2B 590	7355
906	2692	4478	6264	784CIP2B 591	7363
907	2693	4479	6265	784CIP2B 592	7363
908	2694	4480	6266	784CIP2B 593	7365
909	2695	4481	6267	784CIP2B_593	7368
910	2696	4482	6268	784CIP2B 595	7369
911	2697	4483	6269	784CIP2B 596	7372
912	2698	4484	6270	784CIP2B 599	7375
913	2699	4485	6271	784CIP2B 600	7381
914	2700	4486	6272	784CIP2B 601	7383
915	2701	4487	6273	784CIP2B 602	7387
916	2702	4488	6274	784CIP2B 603	7391
917	2703	4489	6275	784CIP2B 604	7393
918	2704	4490	6276	784CIP2B 605	7395
919	2705	4491	6277	784CIP2B 606	7397
920	2706	4492	6278	784CIP2B 607	7399
921	2707	4493	6279	784CIP2B 60B	7405
922	2708	4494	6280	784CIP2B 609	7406
923	2709	4495	6281	784CIP2B 610	7406
924	2710	4496	6282	784CIP2B 611	7409
925	2711	4497	6283	784CIP2B 612	7410
926	2712	4498	6284	784CIP2B 613	7411
927	2713	4499	6285	784CIP2B 614	7417

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEO ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide sequence	length peptide	sequence	peptide sequence	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	sequence		sequence	application	
928	2714	4500	6286	784CIP23 615	7418
929	2715	4501	6287	784CIP2B 616	7421
930	2716	4502	6288	784CIP2B_617	7422
931	2717	4503	6289	784CIP23_618	7422
932	2718	4504	6290	784CIP2B_619	7423
933	2719	4505	6291	784CIP23_620	7424
934	2720	4506	6292	784CIP2B_621	7426
935	2721	4507	6293	784CIP23_622	7427
936 937	2722 2723	4508 4509	6294	784CIP2B_623 784CIP2B 624	7420
937	2724	4510	6296	784CIP2B_625	7435
939	2725	4511	6297	784C1P2B 626	7437
940	2726	4512	6298	784CIP2B 627	7439
941	2727	4513	6299	784CIP23_628	7440
942	2728	4514	6300	784CIP2B 629	7442
943	2729	4515	6301	784CIP2B_630	7450
944	2730	4516	6302	784CIP2B_631	7451
945	2731	4517	6303	784CIP23_632	7452
946	2732	4518	6304	784CIP2B_633	7454
947	2733	4519	6305	784C1P23_634	7457
948	2734	4520	6306	784CIP23_635	7459
949 950	2735 2736	4521 4522	6307 6308	784CIP2B_636 784CIP2B_637	7461 7463
950	2736	4523	6309	784CIP23_637	7466
952	2738	4524	6310	784CIP23 639	7469
953	2739	4525	6311	784CIP2B_640	7473
954	2740	4526	6312	784CIP23_641	7481
955	2741	4527	6313	784CIP2B 642	7482
956	2742	4528	6314	784CIP23_643	7482
957	2743	4529	6315	784CIP23_644	7483
958	2744	4530	6316	784CIP2B_645	7485
959	2745	4531	6317	784CIP23_646	7486
960	2746	4532	6318	784CIP2B_647	7487
961	2747	4533	6319	784CIP23_648	7491
962 963	2748 2749	4534 4535	6320 6321	784CIP2B_649 784CIP23 650	7492 7494
964	2750	4536	6322	784CIP28_650	7494
965	2751	4537	6323	784CIP2B 652	7504
966	2752	4538	6324	784CIP2B_653	7508
967	2753	4539	6325	784CIP2B 654	7516
968	2754	4540	6326	784CIP23 655	7518
969	2755	4541	6327	784CIP2B_656	7519
970	2756	4542	6328	784CIP2B_657	7521
971	2757	4543	6329	784CIP23_658	7529
972	2758	4544	6330	784CIP2B_659	7532
973 974	2759	4545	6331 6332	784CIP2B 660 784CIP2B 661	7533 7535
974	2760	4546 4547	6332	784CIP2B_661 784CIP2B_662	7535
976	2762	4548	6334	784CIP2B 663	7546
977	2763	4548	6335	784CIP2B_663 784CIP2B_664	7552
978	2764	4550	6336	784CIP2B 665	7554
979	2765	4551	6337	784CIP2B 666	7567
980	2766	4552	6338	784CIP2B 667	7569
981	2767	4553	6339	784CIP2B_668	7575
982	2768	4554	6340	784CIP2B_669	7576
983	2769	4555	6341	784CIP2B_670	7577
984	2770	4556	6342	784CIP2B_671	7579
985	2771	4557	6343	784CIP2B_672	7582
986	2772	4558	6344	784CIP2B_673	7587
987 988	2773 2774	4559 4560	6345	784CIP2B_674	7589 7597
988	2774	4560 4561	6346	784CIP2B_675 784CIP2B_676	7597
L	2773	4201	0347	701C1F2D_070	.597

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full- length	NO: of full-	of contig	NO:	docket number_	NO:in
nucleotide	length	nucleotide sequence	of contig	corresponding	U.S.3.N.
sequence	peptide	sequence	peptide sequence	SEQ ID NO: in priority	09/498,72
acquence	sequence	1	sequence	application	ĺ
990	2776	4562	6348	784CIP23 677	7609
991	2777	4563	6349	784CIP2B 678	7609
992	2778	4564	6350	784CIP2B 679	7609
993	2779	4565	6351	784CIP2B 680	7613
994	2780	4566	6352	784CIP2B 681	7623
995	2781	4567	6353	784CIP2B 682	7629
996	2782	4568	6354	784CIP2B 683	7630
997	2793	4569	6355	784CIP2B 684	7633
998	2794	4570	6356	784CIP28 685	7635
999	2785	4571	6357	784CIP2B 686	7638
1000	2786	4572	6358	784CIP2B 687	7639
2001	2787	4573	6359	784CIP2B 688	7646
1002	2788	4574	6360	784CIP2B_689	7647
1003	2789	4575	6361	784CIP2B 690	7648
1004	2790	4576	6362	784CIP2B 691	7658
1005	2791	4577	6363	784CIP2B 692	7664
1006	2792	4578	6364	784CIP2B 693	7664
1007	2793	4579	6365	784CIP2B 695	7674
1008	2794	4580	6366	784CIF2B 696	7675
1009	2795	4581	6367	784CIP2B_697	7676
1010	2796	4582	6368	784CIP2B 698	7681
1011	2797	4583	6369	784CIP2B_699	7688
1012	2798	4584	6370	784CIP2B_700	7693
1013	2799	4585	6371	784CIP2B_701	7694
1014	2800	4586	6372	784CIP2B 702	7715
1015	2801	4587	6373	784CIP2B_703	7716
1015	2802	4588	6374	784CIP2B_704	7718
1017	2803	4589	6375	784CIP2B_705	7721
1018	2804	4590	6376	784CIP2B_706	7723
1019	2805	4591	6377	784CIP2B_707	7729
1020	2806	4592	6378	784CIP2B_708	7733
1021	2807	4593	6379	784CIP2B_709	7735
1022	2808	4594	6380	784CIP2B_710	7741
	2809	4595	6381	784CIP2B_711	7743
1024	2810	4596	6382	784CIP2B_712	7748
1025	2811	4597	6383	784CIP2B_713	7749
1026	2812	4598	6384	784CIP2B_714	7750
1027	2813 2814	4599	6385	784CIP2B_715	7757
1029	2814	4600	6386	784CIP2B_716	7759
1030		4601	6387	784CIP2B_717 784CIP2B_718	7760
1031	2816 2817	4602 4603	6388	784CIP2B_718	7760
1031	2817	4603	6389 6390	784CIP2B_719	7764
1032	2819	4605	6390	784CIP2B_720 784CIP2B 721	7765
1034	2820	4606	6391	784CIP2E_721 784CIP2B 722	7766 7767
1035	2821	4605	6392	784CIP2B_722 784CIP2B_723	7767
1036	2822	4608	6394	784CIP2B 723 784CIP2B 724	7769
1037	2823	4609	6395	784CIP2B 724 784CIP2B 725	7776
1038	2824	4610	6396	784CIP2B_725 784CIP2B_726	
1039	2825	4611	6397	784CIP2B 726	7779 7781
1040	2826	4612	6398	784CIP2B 728	7782
1041	2827	4613	6399	784CIP2B 728	7783
1042	2828	4614	6400	784CIP2B_729 784CIP2B 730	7787
1043	2829	4615	6401	784CIP2B_730 784CIP2B_731	7787
1044	2830	4616	6402	784CIP2B_731 784CIP2B 732	7792
1045	2831	4617	6403	784CIP2B 732 784CIP2B 733	7795
1046	2832	4618	6404	784CIP2B_733 784CIP2B_734	7801
1047	2833	4619	6405	784CIP2B_734 784CIP2B_735	7807
1048	2834	4620	6406		7803
1049	2835	4621	6407	784CIP2B_736 784CIP2B_737	7819
1050	2836	4622	6408	784C1P2B_737 784C1P2B_738	7824
			0400	10#CIEZB 138	1826

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide.		sequence	priority	
	sequence			application	
1052	2838	4624	6410	784CIP2B_740	7832
1053	2839	4625	6411	784CIP2B_741	7839
1054	2840	4626	6412	784CIP2B_743	7847
1055	2841	4627	6413	784CIP2B_744	7848
1056	2842	4628	6414	784CIP2B_745	7853
1057	2843	4629	6415	784CIP2B_746	7854
1058	2844	4630	6416	784CIP2B_747	7856
1059	2845	4631	6417	784CIP2B_748	7862
1060	2846	4632	6418	784CIP2B_749	7865
1061	2847	4633	6419	784CIP2B_750	7874
1062	2848	4634	6420	784CIP2B_751	7877
1063	2849	4635	6421	784CIP2B_752	7880
1064	2850	4636	6422	784CIP2B_753	7882
1065	2851	4637	6423	784CIP2B_754	7884
1066	2852	4638	6424	784CIP2B_755	7886
1067	2853	4639	6425	784CIP2B_756	7888
1068	2854	4640	6426	784CIP2B_757	7889
1069	2855	4641	6427	784CIP2B_758	7901
1070	2856	4642	6428	784CIP2B_759	7910
1071	2857	4643	6429	784CIP2B 760	7911
1072	2858	4644	6430	784CIP2B 761	7921
1073	2859	4645	6431	784CIP2B 762	7923
1074	2860	4646	6432	784CIP2B 763	7924
1075	2861	4647	6433	784CIP2B 764	7925
1076	2862	4648	6434	784CTP28 765	7928
1077	2863	4649	6435	784CIP2B 766	7929
1078	2864	4650	6436	784CIP2B 767	7930
1079	2865	4651	6437	784CIP2B 768	7934
1080	2866	4652	6438	784CIP2B 769	7938
1081	2867	4653	6439	784CIP2B 770	7942
1082	2868	4654	6440	784CIP2B 771	7945
1083	2869	4655	6441	784CIP2B 772	7946
1084	2870	4656	6442	784CIP2B 773	7948
1085	2871	4657	6443	784CIP2B 774	7951
1086	2872	4658	6444	784CIP2B 775	7952
1087	2873	4659	6445	784CIP2B 776	7953
1088	2874	4660	6446	784CIP2B 777	7954
1089	2875	4661	6447	784CIP2B 778	7957
1090	2876	4662	6448	784CIP2B_779	7958
1091	2877	4663	6449	784CIP2B 780	7961
1092	2878	4664	6450	784CIP2B 781	7965
1093	2879	4665	6451	784CIP2B 782	7966
1094	2880	4666	6452	784CTP2B 783	7979
1095	2881	4667	6453	784CIP2B 784	7986
1096	2882	4668	6454	784CIP2B 785	7986
1097	2883	4669	6455	784CIP2B 786	7988
1098	2884	4670	6456	784CIP2B 787	7991
1099	2885	4671	6457	784CIP2B 788	7992
1100	2886	4672	6458	784CIP2B 789	7992
1101	2887	4673	6459	784CIP2B 790	7992
1102	2888	4674	6460	784CIP2B_791	7992
1103	2889	4675	6461	784CIP2B_791 784CIP2B_792	8003
1104	2890	4676	6462	784CIP2B_793	8014
1105	2891	4677	6463	784CIP2B_793	8014
	2892	4678	6464	784CIP2B 794	8016
1106	2893	4679	6465	784CIP2B 795	8016
1106		40/3			
1107		4690			
1107 1108	2894	4680	6466	784CIP2B_797	8019
1107 1108 1109	2894 2895	4681	6467	784CIP2B 798	8020
1107 1108 1109 1110	2894 2895 2896	4681 4682	6467 6468	784CIP2B_798 784CIP2B_799	8020 8022
1107 1108 1109	2894 2895	4681	6467	784CIP2B 798	8020

SEQ ID NO: of full-	SEQ ID NO: of	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
or tull-	NO: of full-	of contig nucleotide	NO: of contig	docket number_	NO:in
nucleotide	length	sequence	peptide	corresponding SEQ ID NO: in	U.S.S.N.
sequence	peptide	sequence	sequence	priority	09/488,725
	sequence		Dequence	application	
1114	2900	4686	6472	784CIP2B 803	8038
1115	2901	4687	6473	784CIP2B 804	8042
1116	2902	4688	6474	784CIP2B 805	8045
1117	2903	4689	6475	784CIP2B 806	8045
1116	2904	4690	6476	784CIP2B 807	8046
1119	2905	4691	6477	784CIP2B_808	8047
1120	2906	4692	6478	784CIP2B 809	8051
1121	2907	4693	6479	784CIP2B 810	8059
1122	2908	4694	6480	784CIP2B 811	8064
1123	2909	4695	6481	784CIP2B 812	8069
1124	2910	4696	6482	784CIP2B 813	8074
1125	2911	4697	6483	784CIP2B 814	8077
1126	2912	4698	6484	784CIP2B 815	8078
1127	2913	4699	6485	784CIP2B 816	8079
1128	2914	4700	6486	784CIP2B 817	8084
1129	2915	4701	6487	784CIP2B 818	8088
1130	2916	4702	6488	784CIP2B 819	8090
1131	2917	4703	6489	784CIP2B 820	8091
1132	2918	4704	6490	784CIP2B 821	8099
1133	2919	4705	6491	784CIP2B 822	8099
1134	2920	4706	6492	784CIP2B 823	8100
1135	2921	4707	6493	784CIP2B 824	8102
1136	2922	4708	6494	784CIP2B 825	8103
1137	2923	4709	6495	784CIP2B 826	8103
1138	2924	4710	6496	784CIP2B 827	8104
1139	2925	4711	6497	784CIP2B 828	8108
1140	2926	4712	6498	784CIP2B 829	8110
1141	2927	4713	6499	784CIP2B 830	8116
1142	2928	4714	6500	784CIP2B 831	8117
1143	2929	4715	6501	784CIP2B 832	8123
1144	2930	4716	6502	784CIP2B 833	8130
1145	2931	4717	6503	784CIP2B 834	8130
1146	2932	4718	6504	784CIP2B 835	8143
1147	2933	4719	6505	784CIP2B 836	8143
1148	2934	4720	6506	784CIP2B 837	8154
1149	2935	4721	6507	784CIP2B 838	8155
1150	2936	4722	6508	784CIP2B 839	8162
1151	2937	4723	6509	784CIP2B 840	8163
1152	2938	4724	6510	784CIP2B 841	8172
1153	2939	4725	6511	784CIP2B 842	8173
1154	2940	4726	6512	784CIP2B 843	8179
1155	2941	4727	6513	784CIP2B 844	8182
1156	2942	4728	6514	784CIP2B 845	8183
1157	2943	4729	6515	784CIP2B 846	8184
1158	2944	4730	6516	784CIP2B 847	8185
1159	2945	4731	6517	784CIP2B 848	8187
1160	2946	4732	6518	784CIP2B 849	8188
1161	2947	4733	6519	784CIP2B 850	8190
1162	2948	4734	6520	784CIP2B 851	8190
1163	2949	4735	6521	784CIP2B 852	8192
1164	2950	4736	6522	784CIP2B 853	8193
1165	2951	4737	6523	784CIP2B 854	8197
1166	2952	4738	6524	784CIP2B 855	8197
1167	2953	4739	6525	784CIP2B 856	8199
	2954	4740	6526	784CIP2B 857	8202
1168	2955	4741	6527	784CIP2B 858	8203
1169	2935				
	2956	4742	6528	784CIP2B 859	8208
1169		4742 4743	6528 6529	784CIP2B_859 784CIP2B_860	8208
1169 1170	2956			784CIP2B_860	8209
1169 1170 1171	2956 2957	4743	6529	784CIP2B_860 784CIP2B_861	
1169 1170 1171 1172	2956 2957 2958	4743 4744	- 6529 6530	784CIP2B_860	8209 8211

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide	Į.	sequence	priority	
	sequence			application	
1176 1177	.2962	4748 4749	6534	784CIP2B_865	8224
1178	2963 2964	4750	6535 6536	784CIP2B_866	8226
1179	2965	4751	6537	784CIP2B 867	8227 8229
11/9	2966	4752	6538	784CIP2B_868 784CIP2B_869	8232
1181	2967	4753	6539	784CIP2B 870	8236
1182	2968	4754	6540	784CIP2B 871	8239
1183	2969	4755	6541	784CIP2B 872	8244
1184	2970	4756	6542	784CIP2B 873	8245
1185	2971	4757	6543	784CIP2B 874	8248
1186	2972	4758	6544	784CIP2B 875	8251
1187	2973	4759	6545	784CIP2B 876	8253
1188	2974	4760	6546	784CIP2B 877	8260
1189	2975	4761	6547	784CIP2B 878	8262
1190	2976	4762	6548	784CIP2B 879	8268
1191	2977	4763	6549	784CIP2B_880	8270
1192	2978	4764	6550	784CIP2B_881	8272
1193	2979	4765	6551	784CIP2B_882	8274
1194	2980	4766	6552	784CIP2B_883	8274
1195	2981	4767	6553	784CIP2B 884	8275
1196	2982	4768	6554	784CIP2B_885	8277
1197	2983	4769	6555	784CIP2B_886	8281
1198	2984	4770	6556	784CIP2B_887	8263
1199	2985	4771	6557	784CIP2B_888	8289
1200	2986	4772	6558	784CIP2B_889	8295
1201 1202	2987 2988	4773	6559	784CIP2B_890	8300
1202	2988	4774	6560	784CIP2B_891	8303
1203	2999	4775 4776	6561 6562	784CIP2B_892 784CIP2B_893	8304 8305
1205	2991	4777	6563	784CIP2B_894	8309
1206	2992	4778	6564	784CIP2B_895	8318
1207	2993	4779	6565	784CIP2B 896	8319
1208	2994	4780	6566	784CIP2B 897	8321
1209	2995	4781	6567	784CIP2B 898	8322
1210	2996	4782	6568	784CIP2B 899	8323
1211	2997	4783	6569	784CIP2B 900	8325
1212	2998	4784	6570	784CIP2B_901	8331
1213	2999	4785	6571	784CIP2B 902	8332
1214	3000	4786	6572	784CIP2B_903	8333
1215	3001	4787	6573	784CIP2B_904	8335
1216	3002	4788	6574	784CIP2B_905	8336
1217	3003	4789	6575	784CIP2B_906	8337
1218	3004	4790	6576	784CIP2B_907	8340
1219	3005	4791	6577	784CIP2E_908	8343
1220	3006	4792	6578	784CIP2B_909	8347
1221	3007	4793	6579	784CIP2B_910	8349
1222	3008	4794 4795	6580 6581	784CIP2B_911 784CIP2B_911 784CIP2B_912	8351 8353
1223	3009	4795	6581	784CIP2E_912 784CIP2B 913	8353 8355
1225	3010	4796	6582	784CIP2B 913 784CIP2B 914	8355
1225	3011	4798	6584	784CIP2B_914 784CIP2B_915	8365
1227	3013	4799	6585	784CIP2B_915 784CIP2B_916	8367
1228	3013	4800	6586	784CIP2B_916 784CIP2B 917	8369
1229	3015	4801	6587	784CIP2B 917	8375
1230	3016	4802	6588	784CIP2B 920	8387
1231	3017	4803	. 6589	784CIP2B 921	8391
1232	3018	4804	6590	784CIP2B 922	8393
1233	3019	4805	6591	784CIP2B 923	8393
1234	3020	4806	6592	784CIP2B 924	8394
1235	3021	4807	6593	784CIP2B 925	8395
1236	3022	4808	6594	784CIP2B_926	8396
1237	3023	4809	6595	784CIP2B_927	8398

PCT/US00/34263

### WO 01/53312

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide secuence	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide sequence		sequence	priority application	
1238	3024	4810	6596	784CIP2B 928	8402
1239	3025	4811	6597	784CIP2B_928	8402
1240	3026	4812	6598	784CIP2B 930	8405
1241	3027	4813	6599	784CIP2B_931	8406
1242	3028	4814	6600	784CIP2B_932	8409
1243	3029	4815	6601	794CIPZB_933	8410
1244	3030	4816	6602	784CIP2B 934	8414
1245	3031	4817	6603	784CIP2B 935	8415
1246	3032	4818	6604	784CIP2B_936	8419
1247	3033	4819	6605	784CIP2B_937	8426
1248	3034	4820	6606	784CIP2B_938	8430
1249	3 0 3 5	4821	6607	784CIP2B_939	8431
1250	3036	4822	6608	784CIP2B 940	8432
1251	3037	4823	6609	784CIP2B_941	8433
1252	3038	4824 4825	6610 6611	784CIP2B 942	8434
1253	3039	4825 4826	6611	784CIP2B_943 784CIP2B 944	8438
1255	3040	4827	6613	784CIP2B_944 784CIP2B_945	8439 8441
1256	3042	4828	6614	784CIP2B_945 784CIP2B 946	8450
1257	3043	4829	6615	784CIP2B 947	8451
1258	3044	4830	6616	784CIF2B 948	8452
1259	3045	4831	6617	784CIP2B 949	8460
1260	3046	4832	6618	784CIP2B 950	8461
1261	3047	4833	6619	784CIP2B 951	8462
1262	3048	4834	6620	784CIP2B 952	8464
1263	3049	4835	6621	784CIP2B_953	8465
1264	3050	4836	6622	784CIP2B_954	8467
1265	3051	4837	6623	784CIP2B_955	8470
1266	3052	4838	6624	784CIP2B_956	8471
1267	3053	4839	6625	784CIP2B_957	8473
1268 1269	3054 3055	4840	6626	784CIP2B_958	8474
1269	3055	4841	6627	784CIP2B_959	8475
1271	3057	4842 4843	6628 6629	784CIP2B_960 784CIP2B 961	8476
1272	3058	4844	6630	784CIP2B 961	8480 8482
1273	3059	4845	6631	784CIP2B_962 784CIP2B 963	8482
1274	3060	4846	6632	784CIP2B 964	8486
1275	3061	4847	6633	784CIP2B 965	8488
1276	3062	4848	6634	784CIP2B 966	8492
1277	3063	4849	6635	784CIP2B_967	8494
1278	3064	4850	6636	784CIP2B 968	8496
1279	3065	4851	6637	784CIP2B_969	8497
1280 .	3066	4852	6638	784CIP2B_970	8499
1281	3067	4853	6639	784CIP2B_971	8513
1282	3068	4854	6640	784CIP2B_972	8522
1283	3069	4855	6641	784CIP2B_973	8526
1284	3070 3071	4856	6642	784CIP2B_974	9531
1285	3071	4857 4858	6643 6644	784CIP2B 975 784CIP2B 976	8533 8542
1286	3072	4858 4859	6645	784CIP2B_976 784CIP2B 977	8542 8544
1288	3074	4859	6646	784CIP2B_977 784CIP2B_978	8544 8565
1289	3075	4861	6647	784CIP2B_978	8565
1290	3076	4862	6648	784CIP2B 980	8572
1291	3077	4863	6649	784CIP2B_981	8576
1292	3078	4864	6650	784CIP2B 982	8578
1293	3079	4865	6651	784CIP2B 983	8584
1294	3080	4866	6652	784CIP2B 984	8598
1.295	3081	4867	6653	784CIP2B 985	8602
1296	3082	4868	6654	784CIP2B 986	8604
1297	3083	4869	6655	784CIP2B_987	8609
1298	3084	4870	6656	784CIP2B_988	8612
1299	3085	4871	6657	784CIP2B 989	8637

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEO ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide	Doguenac	sequence	priority	03/400,725
1	sequence			application	
1300	3086	4872	6658	784CIP2B 990	8640
1301	3087	4873	6659	784CIP2B 991	8643
1302	3088	4874	6660	784CIP2B_992	8645
1303	3089	4875	6661	784CIP2B 993	8650
1304	3090	4876	6662	784CIP2B 994	8651
1305	3091	4877	6663	784CIP2B 995	8654
1306	3092	4878	6664	784CIP2B_996	8655
1307	3093	4879	6665	784CIP2B 997	8657
1308	3094	4880	6666	784CIP2B 998	8665
1309	3095	4881	6667	784CIP2B 999	8668
1310	3096	4882	6668	784CIP2B_999	8671
1311	3097	4883	6669		8672
1312	3098	4884	6670	784CIP2B_1001 784CIP2B 1002	8692
1313	3099	4835	6671	784CIP2B_1002	
1314	3100	4886			8706
1314	3100	4887	6672	784CIP2B_1004	8716
1315	3101		6673	784CIP2B_1005	8719
		4838	6674	784CIP2B_1006	8743
1317	3103	4889	6675	784CIP2B_1007	8764
1318	3104	4890	6676	784CIP2B_1008	8764
1319	3105	4891	6677	784CIP2B_1009	8764
1320	3106	4892	6678	784CIP2B_1010	8774
1321	3107	4893	6679	784CIP2B_1011	8782
1322	3108	4894	6680	784CIP2B_1012	8796
1323	3109	4895	6681	784CIP2B_1013	8827
1324	3110	4896	6682	784CIP2B_1014	8842
1325	3111	4897	6683	784CIP2B_1015	8842
1326	3112	4898	6684	784CIP2B_1016	8858
1327	3113	4899	6685	784CIP2B_1017	8371
1328	3114	4900	6686	784CIP2B_1018	8921
1329	3115	4901	6687	784CIP2D_1019	8927
1330	3116	4902	6688	784CIP2B_1020	8942
1331	3117	4903	6689	784CIP2B_1021	8994
1332	3118	4904	6690	784CIP2B_1022	9023
1333	3119	4905	6691	784CIP2B_1023	9028
1334	3120	4906	6692	784CIP2B_1024	9058
1335	3121	4907	6693	784CIP2B_1025	9058
1336	3122	4908	6694	784CIP2B_1026	9079
1337	3123	4909	6695	784CIP2B_1027	9079
1338	3124	4910	6696	784CIP2B_1028	9082
1339	3125	4911	6697	784CIP2B_1029	9084
1340	3126	4912	6698	784CIP2B_1030	9093
1341	3127	4913	6699	784CIP2B_1031	9101
1342	3128	4914	6700	784CIP2B_1032	9103
1343	3129	4915	6701	784CIP2B_1033	9105
1344	3130	4916	6702	784CIP2B_1034 784CIP2B_1035	9151
1345	3131	4917	6703	784CIP2B 1035	9161
1346	3132	4918	6704	784CIP2B_1036	9172
1347	3133	4919	6705	784CIP2B 1037	9174
1348	3134	4920	6706	784CIP2B_1038	9204
1349	3135	4921	6707	784CIP2B 1039	9234
1350	3136	4922	6708	784CIP2B_1040	9235
1351	3137	4923	6709	784CIP2B 1041	9239
1352	3138	4924	6710	784CIP2B 1042	9256
1353	3139	4925	6711	784CIP2B 1043	9276
1354	3140	4926	6712	784CIP2B 1044	9345
1355	3141	4927	6713	784CIP2B_1045	9379
1356	3142	4928	6714	784CIP2B 1046	9435
1357	3143	4929	6715	784CIP2B 1047	9437
1358	3144	4930	6716	784CIP2B 1048	9469
1359	3145	4931	6717	784CIP2B 1049	9500
1360	3146	4932	6718	784CIP2B_1050	9502
1361	3147	4933	6719	784CIP2B 1051	9520

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEC ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	No:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotice	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide		sequence	priority	
-	sequence			application	
1362	3148	4934	6720	784CIP2B 1052	9541
1363	3149	4935	6721	784CIP2B 1053	9541
1364	3150	4936	6722	784CIP2B 1054	9548
1365	3151	4937	6723	784CIP2B_1055	9556
1366	3152	4938	6724	784CIP2B_1055	9556
1367	3153	4939	6725	784CIP2B 1056	
1368	3154	4940			9575
1369			6726	784CIP2B_1058	9589
	3155	4941	6727	784CIP2B_1059	9599
1370	3156	4942	6728	784CIP2B_1060	9602
1371	3157	4943	6729	784CIP2B_1061	9606
1372	3158	4944	6730	784CIP2B_1062	9622
1373	3159	4945	6731	784CIP2B_1053	9623
1374	3160	4946	6732	784CIP2B 1064	9646
1375	3161	4947	6733	784CIP2B 1065	9747
1376	3162	4948	6734	784CIP2B_1066	9773
1377	3163	4949	6735	784CIP2B_1067	9785
1378	3164	4950	6736	784CIP2B 1068	9801
1379	3165	4951	6737	784CIP2B 1069	9811
1380	3166	4952	6738	784CIP2B 1070	9843
1381	3167	4953	6739	784CIP2B_1070 784CIP2B_1071	9843
1382	3168	4954	6740	784C1P2B_1071	9854
1383	3169	4954		784CIP2B_1072	
1384	3170	4956	6741	784CIP2B_1073	9864
			6742	784CIP2B_1074	9864
1385	3171	4957	6743	784CIP2B_1075	9871
1386	3172	4958	6744	784CTP2B_1076	9879
1387	3173	4959	6745	784CIP2B_1077	9881
1388	3174	4960	6746	784CIP2B_1077 784CIP2B_1078	9885
1389	3175	4961	6747	784CIP2B_1079	9901
1390	3176	4962	6748	784CIP2B 1080	9912
1391	3177	4963	6749	784CIP2B 1081	9916
1392	3178	4964	6750	784CIP2B 1082	9921
1393	3179	4965	6751	784CIP2B_1083	9925
1394	3180	4966	6752	784CIP2B_1084	9930
1395	3181	4967	6753	784CIP2B 1085	9949
1396	3182	4968	6754	784CIP2B 1086	9951
1397	3183	4969	6755	784CIP2B 1087	9959
1398	3184	4970	6756	784CIP2B 1088	9973
1399	3185	4971	67S7	784CIP2B_1089	9982
1400	3186	4972	6758	784CIP2B_1089	
1401	3187	4973			9994
1402	3188		6759	784CIP2B_1091	10021
		4974	6760	784CIP2B_1092	10041
1403	3189	4975	6761	784CIP2B_1094	10067
1404	3190	4976	6762	784CIP2B_1095	10073
1405	3191	4977	6763	784CIP2B_1096	10112
1406	3192	4978	6764	784CIP2B_1097	10117
1407	3193	4979	6765	784CIP2B_1098	10132
1408	3194	4980	6766	784CIP2B 1099	10169
1409	3195	4981	6767	784CIP2B 1100	10217
1410	3196	4982	6768	784CIP2B 1101	10226
1411	3197	4983	6769	784CIP2B_1102	10232
1412	3198	4984	6770	784CIP2B 1103	10237
1413	3199	4985	6771	784CIP2B 1104	10279
1414	3200	4986	6772	784CIP2C 1	33
1415	3201	4987	6773	784CIP2C_1	271
1416	3202	4988	6774		271 848
1417	3202			784CIP2C_3	
		4989	6775	784CIP2C_4	849
1418	3204	4990	6776	784CIP2C_5	864
1419	3205	4991	6777	784CIP2C_6	953
1420	3206	4992	6778	784CIP2C_7	980
1421	3207	4993	6779	784CIP2C_8	1595
1422	3208	4994	6780	784CIP2C_9	1697
1423	3209	4995	6781	784CIP2C_10	1744

SEQ ID NO: of full-	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
or rull-	NO: of full-	of contig nucleotide	NO:	docket number_	No:in
nucleotide	length	sequence	of contig	corresponding SEQ ID NO: in	U.S.S.N.
sequence	peptide	acquence	sequence	priority	09/488,725
acque <b>nc</b> e	sequence	1	sequence	application	1
1424	3210	4996	6782	784CIP2C_11	1937
1425	3211	4997	6783	784CIP2C_12	1955
1426	3212	4998	6784	784CIP2C 13	1955
1427	3213	4999	6785	784CIP2C 14	2185
1428	3214	5000	6786	784CIP2C 15	2889
1429	3215	5001	6787	784CIP2C_16	2901
1430	3216	5002	6788	784CIP2C_17	2902
1431	3217	5003	6789	784CIP2C_18	2905
1432	3218	5004	6790	784CIP2C_19	2948
1433	3219	5005	6791	784CIP2C_20	2956
1434	3220	5006	6792	784CIP2C_21	2959
1435	3221	5007	6793	784CIP2C_22	2965
1436	3222	5008	6794	784CIP2C_23	2966
1437 1438	3223 3224	5009	6795	784CIP2C_24	2970
1438	3224	5010 5011	6796	784CIP2C_25	2985
1440	3225	5011	6797	784CIP2C_26	2987
1441	3227	5012	6799	784CIP2C_27 784CIP2C_28	2993 2993
1442	3228	5013	6800	784CIP2C_28	3017
1443	3229	5015	6801	784CIP2C_30	3017
1444	3230	5016	6802	784CIP2C_31	3050
1445	3231	5017	6803	784CIP2C 31	3357
1446	3232	5018	6804	784CIP2C 33	3359
1447	3233	5019	6805	784CIP2C 34	3432
1448	3234	5020	6806	784CIP2C 35	3438
1449	3235	5021	6807	784CIP2C 36	3439
1450	3236	5022	6808	784CIP2C_39	3463
1451	3237	5023	6809	784CIP2C_40	3466
1452	3238	5024	6810	784CIP2C_41	3466
1453	3239	5025	6811	784CIP2C_42	3467
1454	3240	5026	6812	784CIP2C_43	3468
1455	3241	5027	6813	784CIP2C_44	3483
1456	3242	5028	6814	784CIP2C_45	3484
1457 1458	3243	5029	6815	784CIP2C_46	3488
1459	3244 3245	5030 5031	6816 6817	784CIP2C_47	3491
1460	3245	5031	6818	784CIP2C_48 784CIP2C 49	3493
1461	3247	5032	6819	784CIP2C_49	3494 3495
1462	3248	5034	6820	784CIP2C_50 784CIP2C_51	3495
1463	3249	5035	6821	784CIP2C_51 784CIP2C_52	3503
1464	3250	5036	6822	784CIP2C_53	3503
1465	3251	5037	6823	784CIP2C_54	3504
1466	3252	5038	6824	784CIP2C 55	3511
1467	3253	5039	6825	784CIP2C 56	3531
1468	3254	5040	6826	784C1P2C_57	3536
1469	3255	5041	6827	784CIP2C_58	3546
1470	3256	5042	6828	784CIP2C_59	3548
1471	3257	5043	6829	784CIP2C_60	3551
1472	3258	5044	6830	784CIP2C_61	3553
1473	3259	5045	6831	784CIP2C_62	3564
1474	3260	5046	6832	784CIP2C_63	3567
1475 1476	3261 3262	5047	6833	784CIP2C_64	3572
1476	3262	5048	6834	784C1P2C_65	3573
1477	3263	5049	6835	784CIP2C_66	3574
1479	3264	5050 5051	6836	784CIP2C_67	3583
1479	3265		6837	784CIP2C_68	3615
1480	3266	5052	6838	784CIP2C_69	3623
1482	3268	5053 5054	6839 6840	784CIP2C_70	3629
1483	3268	5054 5055	6840 6841	784CIP2C_71	3666
1484	3270	5056	6842	784CIP2C_72 784CIP2C_73	3667 3906
1485	3271	5057	6843	784CIP2C_73	3912

SEQ ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number_	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide		sequence	priority	
1486	sequence 3272	5058	6844	application	3924
1486	3272	5059	6845	784CIP2C 75 784CIP2C 76	
1498	3274	5060	6846	784CIP2C 77	3928 3935
1489	3275	5061	6847	784CIP2C 78	3959
1490	3276	5062	6848	784CIP2C 79	3959
1491	3276	5063	6849	784CIP2C_80	3989
1492	3278	5064	6850	784CIP2C_81	4295
1493	3279	5065	6851	784CIP2C 82	4300
1494	3280	5066	6852	784CIP2C 83	4360
1495	3281	5067	6853	784CIP2C 84	4362
1496	3282	5068	6854	784CIP2C_85	4371
. 1497	3283	5069	6855	784CIP2C_86	4373
1498	3284	5070	6856	784CIP2C 87	4376
1499	3285	5071	6857	784CYP2C 89	4378
1500	3286	5072	6858	784CIP2C 90	4382
1501	3287	5073	6859	784CIP2C 91	4409
1502	3288	5074	6860	784CIP2C_92	4421
1503	3289	5075	6861	784CIP2C_93	4421
1504	3290	5076	6862	784CIP2C_94	4426
1505	3291	5077	6863	784CIP2C 95	4430
1506	3292	5078	6864	784CIP2C_96	4435
1507	3293	5079	6865	784CIP2C_97	4436
1508	3294	5080	6866	784CIP2C_98	4439
1509	3295	5081	6867	784CIP2C_99	4440
1510	3296	5082	6868	784CIP2C_100	4441
1511	3297	5083	6869	784CIP2C_101	4442
1512	3298	5094	6870	784CIP2C_102	4455
1513	3299	5095	6871	784CIP2C_103	4462
1514 1515	3300	5096	6872	784CIP2C_104	4466
1516	3301 3302	5087 5088	6873 6874	784CIP2C_105 784CIP2C_106	4469
1517	3302	5089	6875	784CIP2C_106	4481
1518	3304	5030	6876	784CIP2C_107	4483
1519	3305	5091	6877	784CIP2C_108	4484
1520	3306	5032	6878	784CIP2C 110	4486
1521	3307	5093	6879	784CIP2C_111	4490
1522	3308	5094	6880	784CIP2C 112	4499
1523	3309	5095	6881	784CIP2C 113	4503
1524	3310	5096	6882	784CIP2C 114	4506
1525	3311	5097	6883	784CIP2C 115	4509
1526	3312	5098	6884	784CIP2C 116	4514
1527	3313	5099	6885	784CIP2C_117	4516
1528	3314	5100	6886	784CIP2C_118	4522
1529	3315	5101	6887	784CIP2C_119	4525
1530	3316	5102	6888	784CIP2C_120	4527
1531	3317	5103	6889	784CIP2C_121	4528
1532	3318	5104	6890	784CIP2C_122 784CIP2C_123	4529
1533	3319	5105	6891	7E4CIP2C_123	4532
1534	3320	5106	6892	784CIP2C_124	4537
1535	3321	5107	6893	784CIP2C_125	4538
1536 1537	3322 3323	5108	6894	784CIP2C 126	4551
1537	3323	5109	6895	784CIP2C_127 784CIP2C_128	4552
1539	3324	5110 5111	6896 6897		4559 4567
1540	3325	5111	6898	784CIP2C_129 784CIP2C 130	4568
1541	3325	5112	6898 6899	784CIP2C_130 784CIP2C_132	4568 4585
1542	3327	5113	6900	784CIP2C_132 784CIP2C_133	4592
1543	3329	5115	6900	784CIP2C_133 784CIP2C_134	4592
1544	3330	5116	6902	784CIP2C_134 784CIP2C_135	4616
1545	3331	5117	6902	784CIP2C_135 784CIP2C_136	4617
1546	3332	5118	6904	784CIP2C 137	4618
1547	3333	5119	6905	784CIP2C 138	4620

SEO ID NO:	SEQ ID	SEO ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
of full- length	NO: of full-	of contig nucleotide	NO: of contig	docket number_ corresponding	NO:in U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	0.5.5.N. 09/488,725
sequence	peptide	bequence	sequence	priority	03/400,72
	sequence	1		application	1
1548	3334	5120	6906	784CIP2C_139 784CIP2C_140	4624
1549	3335	5121	6907	784CIP2C_140	4632
1550	3336	5122	6908	784CIP2C_141	4634
1551	3337	5123	6909	784CIP2C_142	4638
1552	3338	5124	6910	784CIP2C_143	4639
1553 1554	3339 3340	5125 5126	6911 6912	784CIP2C 144 784CIP2C 145	4643 4644
1555	3341	5126	6913	784CIP2C_145 784CIP2C_146	4655
1556	3342	5128	6914	784CIP2C_147	4668
1557	3343	5129	6915	784CIP2C 148	4677
1558	3344	5130	6916	784CIP2C 149	4677
1559	3345	· 5131	6917	784CIP2C 150	4677
1550	3346	5132	6918	784CIP2C 152	4682
1561	3347	5133	6919	784CIP2C_153	4690
1562	3348	5134	6920	784CIP2C_154	4691
1563	3349	5135	6921	784CIP2C_155	4727
1564	3350	5136	6922	784CIP2C_156	4730
1565	3351	5137	6923	784CIP2C_157	4734
1566 1567	3352 3353	5138 5139	6924 6925	784CIP2C_158 784CIP2C_159	4757
1568	3353	5140	6925	784CIP2C 159	4764
1569	3355	5141	6926		4785
1570	3356	5142	6928	784CIP2C_161 784CIP2C_162	4825
1571	3357	5143	6929	784CIP2C 163	4826
1572	3358	5144	6930	784CIP2C 164	4850
1573	3359	5145	6931	784CIP2C 165	4853
1574	3360	5146	6932	784CTP2C 166	4855
1575	3361	5147	6933	· 784CIP2C 167	4856
1576	3362	5148	6934	784CIP2C_167 784CIP2C_168	4867
1577	3363	5149	6935	784CIP2C_169	4869
1578	3364	5150	6936	784CIP2C_170	4878
1579 1580	3365 3366	5151 5152	6937	784CIP2C_171	4880
1581	3366	5152 5153	6938 6939	784CIP2C_172 784CIP2C_173	4942
1581	3368	5153	6939	784CIP2C 173	4945
1583	3369	5155	6941	784CIP2C_174	4952
1584	3370	5156	6942	784CIP2C_176	4954
1585	3371	5157	6943	784CIP2C 177	4958
1586	3372	5158	6944	784CIP2C 178	4961
1587	3373	5159	6945	784CIP2C 179	5590
1588	3374	5160	6946	784CIP2C_180	5599
1589	3375	5161	6947	784CIP2C_181	5692
1590	3376	5162	6948	784CIP2C_182	5732
1591	3377	5163	6949	784CIP2C_183	5765
1592 1593	3378 3379	5164	6950	784CIP2C_184	5771
1594	3379	5165 5166	6951 6952	784CIP2C_185 784CIP2C_186	5774 5793
1595	3380	5167	6953	784CIP2C 186	5806
1596	3382	5168	6954	784CIP2C 188	5852
1597	3383	5169	6955	784CIP2C_189	5892
1598	3384	5170	6956	784CIP2C 190	6057
1599	3385	5171	6957	784CIP2C 191	6061
1600	3386	5172	6958	784CIP2C_192	6109
1601	3387	5173	6959	784CIP2C 193	6160
1602	3388	5174	6960	784CIP2C_194	6297
1603	3389	5175	6961	784CIP2C_195	6398
1604	3390	51.76	6962	784CIP2C_196	6398
1605	3391	5177	6963	784CIP2C_197	6415
1606	3392	5178	6964	784CIP2C_198	6448
1607	3393 3394	5179 5180	6965 6966	784CIP2C_199 784CIP2C_200	6469 6476
1609	3394	5180	6966	784CIP2C_200 784CIP2C_201	6561

SEC ID NO:	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEO ID	Priority	I SEO ID
of full-	NO: of	of contig	NO:	docket number	NO:in
length	full-	nucleotide	of contig	corresponding	U.S.S.N.
nucleotide	length	sequence	peptide	SEO ID NO: in	09/488,725
sequence	peptide	1 -	sequence	priority	,
	sequence	Į.	4	application	1
1610	3396	5182	6968	784CIP2C 202	6574
1611	3397	5183	6969	784CIP2C 203	6578
1612	3398	5184	6970	784CIP2C 204	6662
1613	3399	5185	6971	784CIP2C 204	6672
				784CIP2C_205 784CIP2C_206	
1614	3400	5186	6972	784CIP2C_206	6691
1615	3401	5187	6973	784C1P2C_207	6695
1616	3402	5188	6974	784CIP2C_208	6746
1617	3403	5189	6975	784CIP2C 209	6898
1618	3404	5190	6976	784CIP2C_210 784CIP2C_211	6938
1619	3405	5191	6977	784CIF2C 211	6943
1620	3406	5192	6978	784CIP2C 212	7110
1621	3407	5193	6979	784CIP2C 213	7200
1622	3408	5194	6980	784CIP2C 214	7212
1623	3409	5195	6981	784CIP2C_214	7212
1624	3410	5196	6982	784CIP2C_215	
				784CIP2C_216	7249
1625	3411	5197	6983	784CIP2C_217	7500
1626	3412	5198	6984	784CIP2C_218	7509
1627	3413	5199	6985	784CIP2C_219	7523
1628	3414	5200	6986	784CIP2C_220	7544
1629	3415	5201	6987	784CIP2C_220 784CIP2C_221 784CIP2C_222	7564
1630	3416	5202	6988	784CIP2C 222	7568
1631	3417	5203	6989	784CIP2C_223	7631
1632	3418	5204	6990	784CIP2C 224	7813
1633	3419	5205	6991	784CIP2C 225	7831
1634	3420	5206	6992	784CIP2C 226	7843
1635	3421	5207	6993	784CIP2C_226	
				784CIP2C_227 784CIP2C_228	7907
1636	3422	5208	6994	784CIP2C_228	7943
1637	3423	5209	6995	784CIP2C_229	8175
1638	3424	5210	6996	784CIP2C_230	8216
1639	3425	5211	6997	784CIP2C_231	8225
1640	3426	5212	6998	784CIP2C_232 784CIP2C_233	8271
1641	3427	5213	6999	784CIP2C 233	8397
1642	3428	5214	7000	784CIP2C_234	8466
1643	3429	5215	7001	784CIP2C 235	8503
1644	3430	5216	7002	784CIP2C 236	8953
1645	3431	5217	7003	784CIP2C 237	9106
1646	3432	5218	7004	784CIP2C_238	9139
1647	3433	5219	7005	784CIP2C_239	9555
1648	3434	5220	7006	784CIP2C_240	9650
1649	3435	5221	7007	784CIP2C 241	9889
1650	3436	5222	7008	784CIP2C 242	9933
1651	3437	5223			
1652			7009	784CIP2C_243	9953
	3438	5224	7010	784CIP2C_244	9981
1653	3439	5225	7011	784CIP2D_1	746
1654	3440	5226	7012	784CIP2D_2	3558
1655	3441	5227	7013	784CIP2D_3	3558
1656	3442	5228	7014	784CIP2D_4	3633
1657	3443	5229	7015	784CIP2D_5	3658
1658	3444	5230	7016	784CIP2D 6	3732
1659	3445	5231	7017	784CIP2D 7	4004
1660	3446	5232	7018	784CIP2D 8	4700
1661	3447	5233	7019	784CIP2D 9	4703
1662	3448	5234	7020	784CIP2D 10	4774
1663	3449	5235	7021	784CIP2D 11	4894
1664	3450	· 5236	7022	784CIP2D_11 784CIP2D_12	4918
1,665	3451	5236			
			7023	784CIP2D_13	5159
1666	3452	5238	7024	784CIP2D_14	7443
1667	3453	5239	7025	784CIP2D_15	8673
1668	3454	5240	7026	784CIP2D 16	8679
1669	3455	5241	7027	784CIP2D_17	8727
1670	3456	5242	7028	784CIP2D 18	8734
1671	3457	5243	7029	784CIP2D 19	8756

SEQ ID NO: of full-	SEQ ID	SEQ ID NO:	SEQ ID	Priority	SEQ ID
length	NO: of full-	of contig nucleotide	NO:	docket number_	NO:in
nucleotide	length		of contig	corresponding	U.S.S.N.
sequence	peptide	sequence	peptide	SEQ ID NO: in	09/488,72
sequence			sequence	priority	1
1672	sequence	50.4		application	
	3458	5244	7030	784CIP2D_20	3818
1673	3459	5245	7031	784CIP2D_21	3844
1674	3460	5246	7032	784CIP2D_22	8845
1675	3461	5247	7033	784CIP2D_23	8912
1676	3462	5248	7034	784CIP2D_24	8918
1677	3463	5249	7035	784CIP2D_25	8918
1678	3464	5250	7036	784C1P2D_26	8941
1679	3465	5251	7037	784CIP2D_27	8941
1680	3466	5252	7033	784CIP2D_28	8951
1681	3467	5253	7039	784CIP2D 29	8951
1682	3468	5254	7040	784CIP2D 30	9007
1683	3469	5255	7041	784CIP2D_31	9012
1684	3470	5256	7042	784CIP2D 32	9013
1685	3471	5257	7043	784CIP2D 33	9025
1686	3472	5258	7044	784CIP2D 34	9053
1687	3473	5259	7045	784CTP2D 35	9054
1688	3474	5260	7046	784CIP2D 36	9054
1689	3475	5261	7047	784CIP2D 37	9113
1690	3476	5262	7048	784CIP2D_38	9134
1691	3477	5263	7049	784CIP2D 39	9152
1692	3478	5264	7050	784CIP2D 40	9152
1693	3479	5265	7051	784CIP2D 40	9211
1694	3480	5266	7052	784CIP2D_41 784CIP2D 42	9211
1695	3481	5267	7052	784CIP2D_42 784CIP2D_43	9223
1696	3482	5268	7054		
1697	3483	5269	7054	764CIP2D_44	9231
1698	3484			784CIP2D_45	9236
1699	3485	5270	7056	784CIP2D_46	9236
1700		5271	7057	784CIP2D_47	9303
1701	3486 3487	5272	7058	784CIP2D_48	9309
1701		5273	7059	784CIP2D_49	9314
1702	3489	5274	7060	784CIP2D_50	9326
	3489	5275	7061	784CIP2D_51	9339
1704	3490	5276	7062	784CIP2D_52	9348
1705	3491	5277	7063	784CIP2D_53	9376
1706	3492	5278	7064	784CIP2D_54	9382
1707	3493	5279	7065	784CIP2D_55	9407
1708	3494	5280	7066	784CIP2D_56	9414
1709	3495	. 5281	7067	784CIP2D_57	9439
1710	3496	5282	7068	784CIP2D 58	9485
1711	3497	5283	7069	784CIP2D 59	9493
1712	3498	5284	7070	784CIP2D 60	9501
1713	3499	5285	7071	784CIP2D_61	9526
1714	3500	5286	7072	784CIP2D 62	9526
1715	3501	5287	7073	784CIP2D 63	9551
1716	3502	5288	7074	784CIP2D 64	9557
1717	3503	5289	7075	784CIP2D 65	9568
1718	3504	5290	7076	784CIP2D 66	9568
1719	3505	5291	7077	784CIP2D 67	9597
1720	3506	5292	7078	784CIP2D 68	9615
1721	3507	5293	7079	784CIP2D 69	9628
1722	3508	5294	7079	784CIP2D 70	9649
1723	3509	5295			
1724	3510	5295	7081	784CIP2D_71	9652
1725			7082	784CIP2D_72	9660
1725	. 3511	5297	7083	784CIP2D_73	9662
	35_2	5298	7084	784CIP2D_74	9725
1727	3513	5299	7085	784CIP2D_75	9746
1728	3514	5300	7086	784CIP2D_76	9777
1729	3515 .	5301	7087	784CIP2D_77	9787
1730	3516	5302	7088	784CIP2D_78	9790
1731	3517	5303	7089	784CIP2D 79	9842
1732	3518	5304	7090	784CIP2D 80	9342
1733	3519	5305	7091	784CIP2D 81	9848